Studium Integrale

James Hutton

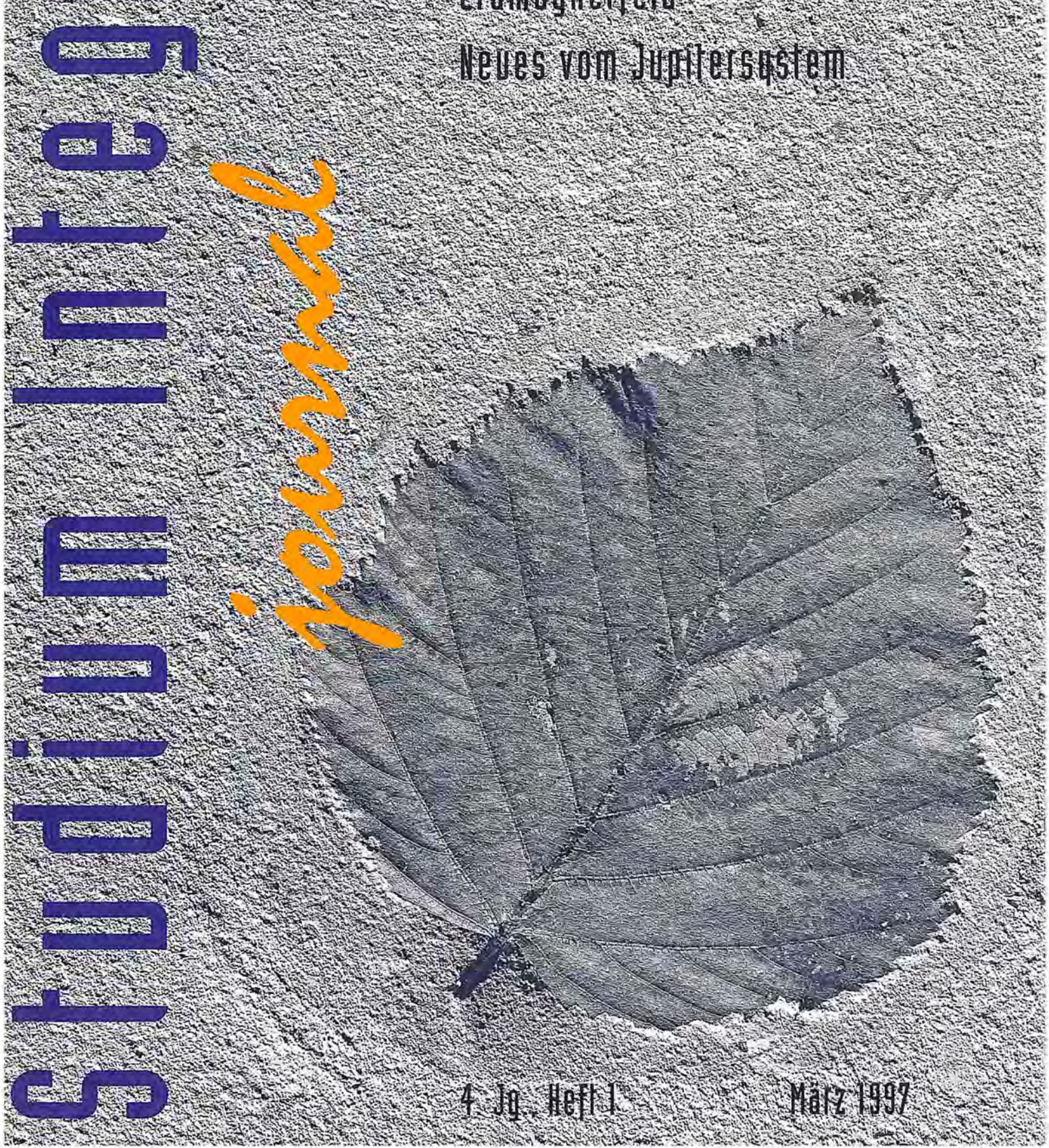
Das Genom-Projekt

Fossile DNA

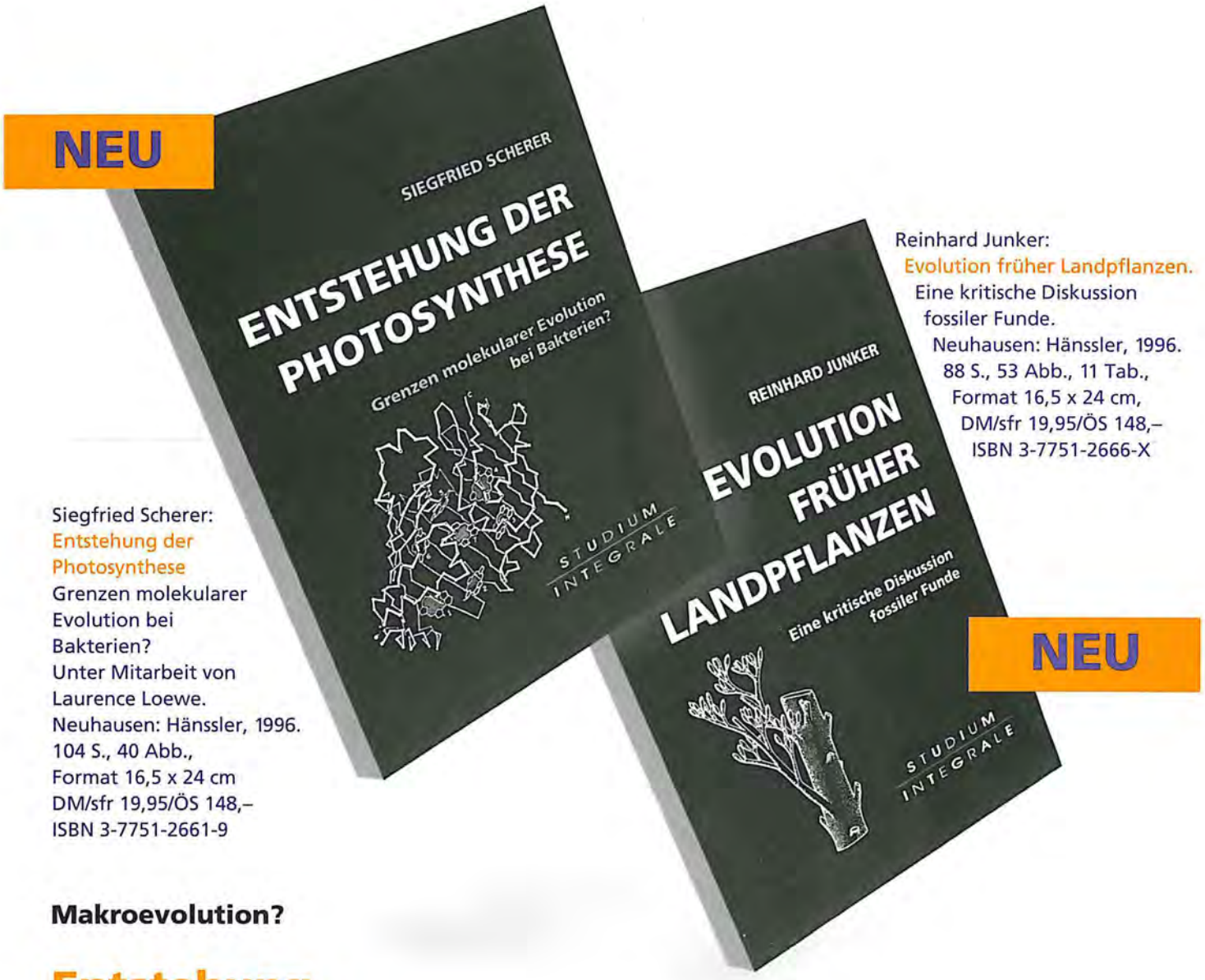
Schnelle Artbildung

Erdmagnetfeld

Neues vom Jupitersystem



4. Jg., Heft 1 März 1997



Siegfried Scherer:
Entstehung der Photosynthese
Grenzen molekularer Evolution bei Bakterien?
Unter Mitarbeit von Laurence Loewe.
Neuhausen: Hänssler, 1996.
104 S., 40 Abb.,
Format 16,5 x 24 cm
DM/sfr 19,95/ÖS 148,–
ISBN 3-7751-2661-9

Reinhard Junker:
Evolution früher Landpflanzen.
Eine kritische Diskussion fossiler Funde.
Neuhausen: Hänssler, 1996.
88 S., 53 Abb., 11 Tab.,
Format 16,5 x 24 cm,
DM/sfr 19,95/ÖS 148,–
ISBN 3-7751-2666-X

Makroevolution?

Entstehung der Photosynthese

Der Stoffwechsel von Bakterien, Pflanzen und Tieren ist durch ein unvorstellbar komplexes, raum-zeitlich ineinandergreifendes Zusammenspiel einer unbekannten Zahl von biochemischen Reaktionen und makromolekularen Strukturen gekennzeichnet. Bis heute ist aber unklar, wie Organismen durch ein Wechselspiel mikroevolutiver Vorgänge entstehen könnten. Dies liegt vielleicht daran, daß zu wenig Wissen über den Aufbau und die Morphogenese von ein- und mehrzelligen Lebewesen vorliegt. Die Reichweite mikroevolutiver Evolutionsfaktoren kann nämlich nur an Strukturen abgeschätzt werden, deren molekulare Details hinreichend gut bekannt sind.

Der photosynthetische Elektronentransport sauerstofferzeugender Cyanobakterien und Algen ist bis in molekulare Details hinein analysiert worden. An diesem Beispiel zeigt der Autor, daß die gegenwärtig diskutierten Evolutionsfaktoren die Entstehung neuartiger Stoffwechselwege bisher nicht erklären konnten.

Zwischenformen bei fossilen Pflanzen?

Evolution früher Landpflanzen

Die Fossilüberlieferung der ältesten Landpflanzen gilt allgemein als gute Stütze der Evolutionslehre. Der Autor zeigt, daß – im Detail betrachtet – eine Rekonstruktion evolutionärer Abfolgen jedoch kaum möglich ist. Die Formengruppen sind weniger stammbaumartig, sondern vielmehr netzartig miteinander verbunden, was im evolutionstheoretischen Deutungsrahmen kaum zu erwarten ist.

Eine bemerkenswerte Fallstudie zur Aussagekraft der Evolutionslehre und zur Zwischenformen-Problematik im Bereich der Paläontologie.

Erhältlich im Buchhandel oder bei
SG Wort & Wissen • Rosenbergweg 29 • 72270 Baiersbronn
Telefon (0 74 42) 8 10 06 • Fax 8 10 08

IMPRESSUM

Herausgeber:
Studiengemeinschaft Wort und Wissen e.V.,
Rosenbergweg 29, D–72270 Baiersbronn,
Tel. (0 74 42) 8 10 06, Fax (0 74 42) 8 10 08

Redaktion:
Dr. Harald Binder, Konstanz
Dr. Thomas Fritzsche, Göttingen
Dr. Reinhard Junker, Baiersbronn

Korrespondenzadresse:
Dr. Reinhard Junker, Rosenbergweg 29,
D–72270 Baiersbronn

Graphik/Design:
Regine Tholen AGD, Wetzlar

Druck und Bindung:
Jaspis Druck Augsburg

Erscheinungsweise und Bezugsbedingungen:
Die Zeitschrift erscheint zweimal jährlich. Jahresbezugspreis DM 29,50; für Studenten DM 19,50; Preise **inkl.** Versandkosten und MwSt. Auslandspreise auf Anfrage. Einzelhefte: DM 17,– (inkl. Versandkosten). **Bestellungen** richten Sie an den Herausgeber. Das Abonnement kann mit einer Frist von drei Monaten zum Jahresende gekündigt werden. Die Kündigung muß schriftlich erfolgen.

Alle Rechte vorbehalten.

Die Verantwortung für den Inhalt tragen die jeweiligen Autoren. Der Herausgeber und die Redaktion identifizieren sich nicht zwangsläufig mit allen Details der Darlegungen.

Titelbild: Neue Techniken ermöglichen die Untersuchung kleinster Mengen der Erbsubstanz DNA. Auch aus alten Fossilien? – Das Bild zeigt ein Birkenblatt (*Betula maximovicziana*) aus dem Jungtertiär (Willershausen am Harz). Copyright: Staatliches Museum für Naturkunde Stuttgart. Abdruck mit freundlicher Genehmigung.

ISSN 0948-6135

STUDIUM INTEGRALE *journal*

4. Jahrgang/Heft 1 – März 1997

INHALT

L. Loewe — Genome im Überblick — 3

H. Binder — Wie lange bleiben DNA-Moleküle erhalten? Zur chemischen Stabilität fossiler DNA — 14

Th. Fritzsche — James Hutton (1726-1797) – ein Begründer der Geologie — 22

Kurzbeiträge

N. Pailer — Vorläufige Bewertung der Diskussion über mögliche Lebensformen auf dem Mars — 32

N. Pailer — Aktuelle Ergebnisse der Erkundung des Jupitersystems — 34

O. Beck — Schnelle Änderung des Erdmagnetfeldes — 38

H. Kutzelnigg — Schnelle Evolution der Samenverbreitung bei Pflanzenpopulationen auf küstennahen Inseln — 39

H. Kutzelnigg — Schnelle Artbildung bei Sonnenblumen (*Helianthus*) durch Hybridisierung — 40

M. Adler — Neues zur Systematik der Arthropoden — 41

Streiflichter

Anfangsstadien der Artbildung — 43

Die Allantois der Vögel: Mehr als nur ein Abfalleimer — 44

Kreuzungen bei Meeresschildkröten
Altweltbaum in Südamerika – ein kleine botanische Sensation
Nacktmulle in Bewegung — 45

Wie Mutationen die Lebenserwartung verkürzen können
Daumenmorphologie, Werkzeugherstellung und *Australopithecus robustus* — 46

Alte Galaxie in jungem Universum
Phönizische Inschrift beschreibt Menschenopfer für Moloch
Klimaschwankungen zur Zeit des Alten Testaments
Lebensmittel aus Jericho — 47
Neue Radiokarbonalter aus Jericho

Rezension

J. Schondelmaier — Streitfall Evolution (Mey, Schmidt & Zibulla) — 48

EDITORIAL

Langsam oder schnell – dieses Gegensatzpaar beschäftigt mehrere Autoren der Beiträge dieser Ausgabe von Studium Integrale *journal*. Dabei geht es jedesmal direkt oder indirekt um Fragen der Geschwindigkeit von Vorgängen, die in der Erd- und Organismengeschichte eine bedeutsame Rolle spielen. Und in den meisten Fällen erfordern neue empirische Befunde ein Umdenken gegenüber bisherigen Vorstellungen.

So häufen sich in der Biologie die Hinweise darauf, daß Mikroevolution sehr viel schneller ablaufen kann als bislang für möglich gehalten wurde. Herfried KUTZELNIGG schildert zwei Beispiele. Im ersten geht es um schnelle Selektion, im anderen um die Möglichkeit einer schnellen Artbildung. Kein geringeres als das berühmte Beispiel der Darwinfinken ließ die Biologen schon vor einigen Jahren aufhorchen, als durch Studien des langjährigen Bearbeiters dieser berühmten Vogelgruppe, P. R. GRANT, bekannt wurde, daß statt langer Zeiträume eine einzige Periode extremen Wetters genügen kann, um einen deutlichen selektionsbedingten Wandel zu bewirken (Spektrum der Wissenschaft, Dezember 1991).

Genau in die umgekehrte Richtung erfolgen Überlegungen zur Geschwindigkeit des chemischen Zerfalls von biogenen Makromolekülen, vor allem der Erbsubstanz DNA. Denn es wurden inzwischen mehrfach DNA-Fragmente aus Pflanzenfossilien isoliert, deren Alter ca. 20 Millionen Jahre betragen soll. Können Prozesse wahrscheinlich gemacht werden, die den Zerfall der DNA so stark verlangsamen, daß dieses Kettenmolekül über Millionen von Jahren stabil bleibt? Bisherige Abschätzungen gestanden der DNA nach dem Tod der Organismen eine Lebensdauer von höchstens ca. 30.000 Jahren zu. Oder handelt es sich um Kontaminationen der untersuchten Fossilproben mit heutiger DNA? Harald BINDER referiert und bewertet in seinem Beitrag über die chemische Stabilität der DNA die kontroverse Diskussionslage in diesem neuen Zweig der Paläontologie.

Die Frage der Geschwindigkeit spielt insbesondere in den Geowissenschaften eine wichtige Rolle. In einem Beitrag über einen der Pioniere der modernen Geologie, James Hutton, anläßlich dessen 200. Todestages zeigt Thomas FRITZSCHE auf, wie empirisches Wissen und theoretische Modellvorstellungen in dessen Erdtheorie verbunden wurden. Für James Hutton zeugten die Gesteine von unermeßlichen Zeiträumen; geologische Prozesse verlaufen jedoch so langsam, daß sie praktisch gar nicht direkt wahrnehmbar sind. Diese Vorstellung ist in eine Theorie eingebettet, die den Erdkörper zusammen mit der belebten Welt als Superorganismus versteht, der keinen Anfang und kein Ende besitzt. Huttons Erdtheorie zeigt übrigens, daß das Denken in unermeßlichen geologischen Zeiträumen nicht notwendigerweise mit einer biologischen Evolutionstheorie gekoppelt sein muß.

Noch einmal um Geschwindigkeit geht es in einem weiteren aktuellen geowissenschaftlichen Beitrag über eine schnelle Umkehr des Erdmagnetfeldes. Schon vor einigen Jahren waren entsprechende Beobachtungen an Lavaergüssen gemacht worden. Die unerwarteten Befunde wurden kürzlich einer detaillierten kritischen Analyse unterzogen. Oliver BECK berichtet über die dabei erzielten Ergebnisse.

Geschwindigkeit in einem ganz anderen Sinn macht sich in der Erforschung des Erbguts der Lebewesen bemerkbar – der Fortschritt in den Analysemethoden ist atemberaubend. Seit kurzem ist es möglich, ganze Genome, also das komplette Erbgut von Organismen zu sequenzieren und damit auch zu vergleichen. Im Zuge dieser Forschungen stellen sich den Genetikern interessante Fragen wie z. B. nach der genetischen Mindestausstattung einfachster denkbarer Organismen oder nach den Entstehungsbedingungen von Genen, deren Verlust nach gegenwärtigem Wissen folgenlos ist. Neue Erkenntnisse, einige Antworten, viele neue Fragen – wie immer in der Wissenschaft. Laurence LOEWE gibt einen Überblick über dieses spannende Forschungsgebiet und erläutert die damit verbundenen Fragen.

Alle diese interessanten Themen wurden freilich im zweiten Halbjahr 1996 überlagert von den Sensationsmeldungen über vergangenes „Leben" auf dem Mars. Inzwischen scheint sich hier eher Ernüchterung breit zu machen. Ende 1996 kommen einem jene heißen Tage im Sommer, als NASA-Wissenschaftler unter der Leitung von David MCKAY Hinweise für Leben auf dem Mars präsentierten, wie ein Traum vor, meinte *New Scientist* in der letzten Ausgabe von 1996. Hören wir die „Totenglocke für das Leben auf dem Mars"? Norbert PAILER läßt die Diskussion über den Marsmeteoriten ALH84001 Revue passieren. Ob sich das Blatt endgültig gegen „Leben auf dem Mars" gewendet hat, wird die Zukunft zeigen müssen.

Eine anregende und gewinnbringende Lektüre

Ihre Redaktion Studium Integrale *journal*

Genome im Überblick

Laurence Loewe, Döbelestraße 34, 78462 Konstanz

Zusammenfassung: **Die Entwicklung und Optimierung von Verfahren zum Sequenzieren großer Mengen der Erbsubstanz DNA ermöglichte die vollständige Bestimmung der Reihenfolge der Bausteine des Genoms, also der Gesamtheit aller Gene, von bisher fünf Mikroorganismen. Dazu gehören die kleinste bekannte Zelle überhaupt, *Mycoplasma genitalium*, die Eubakterien *Haemophilus influenzae* und *Escherichia coli*, das Archaebakterium *Methanococcus jannaschii* sowie die eukaryonte Bierhefe *Saccharomyces cerevisiae*. Die Sequenzierung der Genome weiterer Modellorganismen und des Menschen ist bereits in vollem Gange. Aus Sicht der Ursprungsforschung sind die Informationen in den Genomen und ihre jeweiligen Ähnlichkeiten von Interesse. Zum einen gibt es neben einigen anderen Besonderheiten erstaunliche Merkmalskonflikte bei den Archaebakterien. Zum anderen läßt die einfachste bekannte Zelle, *Mycoplasma genitalium*, erkennen, daß selbst die einfachsten modernen Lebewesen scheinbar immer noch einige hundert Proteine benötigen. Wie bei allen untersuchten komplexen Modellorganismen festgestellt wurde, scheinen nicht alle identifizierten Gene für die Vermehrung unter Laborbedingungen absolut unerläßlich zu sein. Schätzungen deuten darauf hin, daß nur in etwa 30% aller Fälle die Abwesenheit eines Gens tödliche Folgen hat. Aus evolutionstheoretischer Perspektive bleibt momentan unklar, wie die Gene entstanden sein sollen, bei deren Fehlen ein Überleben des Lebewesens unmöglich wäre. Auch die Entstehung der Gene, welche nicht spürbar zu einer Erhöhung der durchschnittlichen Nachkommenzahl führen, ist unklar. Auf jeden Fall ist es an der Zeit, sich an eine „Biologie der Vogelperspektive" zu gewöhnen: Genome im Überblick.**

Einleitung

Mit der Aufklärung der räumlichen Struktur der Erbsubstanz DNA im Jahre 1953 und des genetischen Codes in den 60er Jahren sind wesentliche Grundsteine für die moderne Molekularbiologie gelegt worden. Einige wesentliche Erkenntnisse sind in Abb. 1 zusammengefaßt. Doch auch wenn nun prinzipiell klar ist, daß die Reihenfolge der vier Basen in der DNA die Reihenfolge (Sequenz) der 20 Aminosäuren in den Proteinen und damit ihre Struktur und Funktion bestimmt, so ist damit immer noch nicht geklärt, welche Gene und Proteine auf welche Weise miteinander wechselwirken, um in ihrer jeweiligen Zelle zu einem sinnvollen Ganzen zu werden.

Um dies herauszufinden, wurde in den letzten Jahrzehnten folgendermaßen verfahren: Gegeben sei ein bestimmtes, interessantes vererbbares Phänomen (z.B. eine Erbkrankheit). Nun suche man unter viel Aufwand nach den Proteinen und den Genen, welche für diese Eigenschaft verantwortlich sind, sofern es sie denn gibt. Hat man diese gefunden, so untersuche man ihren strukturellen und funktionellen Kontext: wo im Genom liegt das Gen, wie wird es vererbt, welche Umstände führen zur Aktivierung des Gens, wie wird die Arbeitskopie des Gens (mRNA) bearbeitet, bevor sie in ein Protein übersetzt wird, wo kommt das Protein zum Einsatz, welche drei-dimensionale Struktur besitzt es, welche biochemischen Funktionen hat es, womit interagiert es, und nicht zuletzt, welche Mutationen führen dazu, daß dieses Protein seine Funktion verliert. Natürlich ist ebenfalls von Interesse, ob ähnliche Proteine bzw. Gene in anderen Organismen vorkommen und wenn, worin diese Ähnlichkeit besteht.

> Zum ersten Mal ist es möglich, DNA-Sequenzen ganzer Genome zu vergleichen.

Dieser genzentrierte Ansatz war bisher praktisch nicht zu umgehen und sehr erfolgreich. Der größte Teil unseres bisherigen Wissens über die molekularen Grundlagen des Lebens wurde von vielen Tausenden von Forschern auf diese Weise gesammelt. Dennoch ist diese Arbeitsweise nicht nur mühsam, sondern auch grundsätzlich ungeeignet, um einen Überblick über Genome und ihre Evolution zu gewähren, da sich immer nur die (zufällig) entdeckten Gene auswerten lassen. Über DNA-Sequenzen *zwischen* den Genen, die genaue Reihenfolge der Gene und über Gene mit bislang unbekannter Bedeutung läßt sich so nichts herausfinden.

Wie Fleischmann et al. (1995), Goffeau et al. (1996) und die von ihnen angegebene Literatur beschreiben, stehen heute ausgefeilte Strategien zur Verfügung, die sogenannte Genomprojekte ermöglichen, also das Sequenzieren ganzer Genome von Anfang bis Ende. Ist dies geschehen, dann sind einzelne, besonders interessante Gene mit relativ wenig Aufwand zu finden – vorausgesetzt, ein

Glossar

Kursiv gesetzt sind Artnamen.

Archaea ist der Name von einer der drei „Domänen" des Lebens. Organismen dieses Typs zeichnen sich auf den ersten Blick durch Bakterienähnlichkeit aus, besitzen aber auch viele Sequenzmuster, die sonst eher für Eucarya charakteristisch sind. Singular: Archaeon.

Bacteria ist der Name der „Domäne" des Lebens mit den „klassischen" Bakterien. Zellen dieses Typs zeichnen sich durch das Fehlen eines Zellkerns und bestimmte Sequenzmuster aus.

DNA, die „Erbsubstanz". Ein unvorstellbar langes Molekül, welches die genetische Information durch die spezifische Abfolge (=Sequenz) seiner 4 Bausteine A(Adenin), T(Thymin), C(Cytosin) und G(Guanin) codiert. Es stehen immer zwei sich paarende Stränge gegenüber (Doppelhelix), wobei immer nur A und T bzw. C und G zusammenpassen. Siehe auch Abb. 1.

Domänen des Lebens: Mit der Entdeckung der Archaea wurde die bis dahin höchste taxonomische Einheit „Reich" zu schwach, um die beobachteten Sequenzunterschiede in Worte zu fassen. Daher wurden von Woese die Domänen Archaea, Bacteria und Eucarya eingeführt. Siehe auch Abb. 2.

Escherichia coli ist der Name eines Bakteriums, welches im menschlichen Darm lebt. Abb. 4 zeigt einige Zellen dieser Art.

Eucarya ist der Name der „Domäne" des Lebens mit den „höheren" Zellen („Eukaryonten"). Organismen dieses Typs (z.B. Pflanzen, Pilze, Tiere) zeichnen sich durch eukaryonte Zellen aus, deren Hauptmerkmal ein erkennbarer Zellkern ist.

Gene sind Abschnitte auf der DNA, die für Proteine codieren. Von der DNA-Sequenz wird eine mRNA-Arbeitskopie angefertigt, die an den Ribosomen gemäß dem genetischen Code in ein Protein (Kette von Aminosäuren) übersetzt wird. Siehe auch Abb. 1.

Genom: Die Summe aller DNA-Moleküle und damit auch aller Chromosomen (die alle Gene enthalten).

***Haemophilus influenzae* Rd** ist der Name eines Bakteriums, das als Parasit in Menschen lebt. Verschiedene Stämme dieses Bakteriums verursachen verschiedene Krankheiten. Der Zusatz „Rd" kennzeichnet einen Stamm, der für Menschen nicht infektiös ist (und von dem in diesem Artikel die Rede ist).

Kilobasen: siehe Sequenz

Megabasen: siehe Sequenz

Methanococcus jannaschii ist der Artname einer einfachen Zelle aus der Tiefe des Pazifik, die vor allem bei hohen Temperaturen wächst und Methan synthetisiert.

Modellorganismen sind von Natur aus durch nichts vor anderen Organismen ausgezeichnet. Sie werden nur von manchen Menschen besonders intensiv erforscht, in der Hoffnung, die für diesen Organismus gewonnenen Erkenntnisse auf möglichst viele andere Organismen übertragen zu können.

mRNA ist der molekulare Bote, der die Information über den Aufbau der Proteine von der DNA zu den Ribosomen bringt. Abkürzung für messenger RNA. Vgl. RNA.

Mycoplasma genitalium ist der Artname eines Bakteriums, das als Parasit in Menschen lebt. Es gilt als die Zelle mit dem kleinsten Genom.

Prokaryonte Zellen („Prokaryonten") besitzen weder Zellkern noch andere Zellorganelle (z.B. Mitochondrien, Chloroplasten...). Zu ihnen gehören die Bacteria und die Archaea.

Proteine sind lange Ketten von (20 verschiedenen) Aminosäuren, die sich auf eine spezifische Weise falten, um eine charakteristische Funktion auszuführen. Die Reihenfolge der Aminosäuren ist in der DNA festgelegt. Siehe auch Abb. 1.

RNA ist ein der DNA sehr ähnliches Makromolekül mit mehreren entscheidenden Rollen bei der Informationsverarbeitung in der Zelle: mRNA ist die Arbeitskopie des Gens, tRNA's tragen die dem genetischen Code entsprechenden Aminosäuren (vgl. Abb. 1) und rRNA's übernehmen verschiedene spezielle Aufgaben in den Ribosomen.

Saccharomyces cerevisiae ist der Artname der Bierhefe, ein Eukaryont (s. Abb. 3).

Sequenzen: Sequenzieren bedeutet für DNA: Die genau festgelegte Reihenfolge der vier verschiedenen Bausteine der DNA wird durch eine experimentelle Methode für einen vorliegenden DNA-Abschnitt bestimmt. Die Reihenfolge nennt man Sequenz; sie ist vergleichbar einer Abfolge von Buchstaben. Die Länge einer Sequenz wird in Basenpaaren (=bp) gemessen; Kilobasen = 1000 DNA-Bausteine Sequenzlänge, Megabasen = Millionen Bausteine hintereinander. Siehe auch Abb. 1 und 3. Kernidee der modernen Sequenzierungsmethoden ist der zufällige Kettenabbruch von DNA-Tochtersträngen; die daraus resultierenden Längenunterschiede werden in einem geeigneten Medium (Sequenzier-Gel) durch elektrische Ladungen aufgetrennt.

Stück der Sequenz ist bereits bekannt. Allgemein wird erwartet, daß diese „Dienstleistung" der biologischen (und v.a. pharmazeutischen) Forschung ungeheuren Auftrieb verleihen wird. Mittlerweile werden die ersten Früchte dieser Genomprojekte sichtbar: Fünf vollständig sequenzierte Genome wurden bereits veröffentlicht (Fleischmann et al. 1995; Fraser et al. 1995; Bult et al. 1996; Goffeau et al. 1996; Blattner 1997) und weitere sollen folgen. Hier sollen einige Ergebnisse und Trends für die Ursprungsforschung angesprochen werden.

Modellorganismen

Da ein Genomprojekt erheblichen Aufwand mit sich bringt, werden in erster Linie solche Organismen bearbeitet, von denen man sich besondere medizinisch oder biologisch relevante Einsichten erhofft: Neben dem Menschen und manchen seiner Parasiten sind dies bestimmte Modellorganismen, über die schon viel herausgefunden wurde und für deren weitere Erforschung wirkungsvolle Methoden zur Verfügung stehen. Letztlich ist man natürlich daran interessiert, möglichst viel über den Menschen herauszufinden. Modellorganismen tragen zu biologischer Erkenntnis bei, indem sie mit möglichst wenig Aufwand Experimente ermöglichen, die bei Menschen ethisch nicht zu verantworten wären. Damit ist die Hoffnung verbunden, möglichst viele der gewonnenen Erkenntnisse auf den Menschen übertragen zu können.

Bekannte Modellorganismen sind beispielsweise das Darmbakterium *Escherichia coli,* ein Vertreter der Prokaryonten; die Bierhefe *Saccharomyces cerevisiae,* ein Eukaryont; *Caenorhabditis elegans,* der durchsichtige, anatomisch einfache Fadenwurm, von dem man das Schicksal aller seiner ca. 1000 Körperzellen kennt (Alberts et al.

1994, S. 1067); *Drosophila melanogaster,* die Fruchtfliege; *Arabidopsis thaliana,* eine kleine krautige Pflanze, und *Mus musculus,* die Maus, der bisher realistischste, handhabbare Modellorganismus für den Menschen.

Die bisher veröffentlichen Genomsequenzen[1] repräsentieren neben dem kürzesten bekannten Genom *(Mycoplasma genitalium)* die drei sogenannten Domänen des Lebens nach WOESE (WOESE et al. 1990; BULT et al. 1996; MORELL 1996): *Haemophilus influenzae* und *Escherichia coli* (Bacteria), *Methanococcus jannaschii* (Archaea) und *Saccharomyces cerevisiae* (Eucarya). Eine schematische Darstellung der drei Domänen findet sich in Abb. 2.

Tab. 1 gibt einen Überblick über Systematik, Genomgröße und Zahl der Gene einiger aktueller Modellorganismen. Neben den bestehenden Unsicherheiten (vor allem in Bezug auf Anzahl und Wirkung der Gene) fällt auf, daß manche Organismentypen sehr stark schwankende Genzahlen besitzen können: Während Viren zwischen vier und mehr als hundert Gene besitzen können, benötigt die einfachste bekannte „selbständige" Zelle, *Mycoplasma genitalium* bereits 470 Proteine.[2] Damit geben sich jedoch keinesfalls alle Bakterien (und Archaea) zufrieden: Während die meisten wohl zwischen 2000 und 4000 Gene haben, gibt es auch „Elefanten" mit ca. 8000 Genen bei einer Genomgröße, die etwa 70% von der der Hefe beträgt. Eukaryontengenome scheinen stets mehr als 5000 Gene bei mehr als 10 Megabasen zu besitzen, Vielzeller allgemein mindestens mehr als doppelt so viele Gene bei mehr als 10facher DNA-Länge. Die Wirbeltiere, deren Genanzahl bisher abschätzbar war, scheinen mehr als 70.000 Gene zu tragen, wobei dieser Wert mit erheblichen Unsicherheiten behaftet ist. Trotz intensiver Erforschung insbesondere des menschlichen Genoms kann immer noch nicht sicher gesagt werden, ob der Mensch nun weniger als 50.000 oder mehr als 100.000 Gene trägt. In jedem Fall scheinen einige dieser Gene in Multigenfamilien vorzuliegen; es gibt beispielsweise ca. 1000 Phosphatasen und etwa 2000 Proteinkinasen im Menschen (MIKLOS et al. 1996). Zwei Proteine gehören dann zu einer Familie, wenn ihre Amino-säuresequenzen ein auffälliges Maß an Ähnlichkeit besitzen (z.B. mehr als ca. 30%). So gut wie immer kann daraus auch eine Ähnlichkeit in der Raumstruktur und oft auch in der Funktion abgeleitet werden (ORENGO et al. 1994). Aufgrund dieses Zusammenhangs konnte den vermuteten Proteincodierenden DNA-Sequenzen eines neu sequenzierten Genoms eine wahrscheinliche Funktion zugeordnet werden (vgl. Tab. 2 für *Mycoplasma genitalium* und FLEISCHMANN et al. (1995) bzw. BULT et al. (1996) für *Haemophilus influenzae* bzw. *Methanococcus jannaschii*).

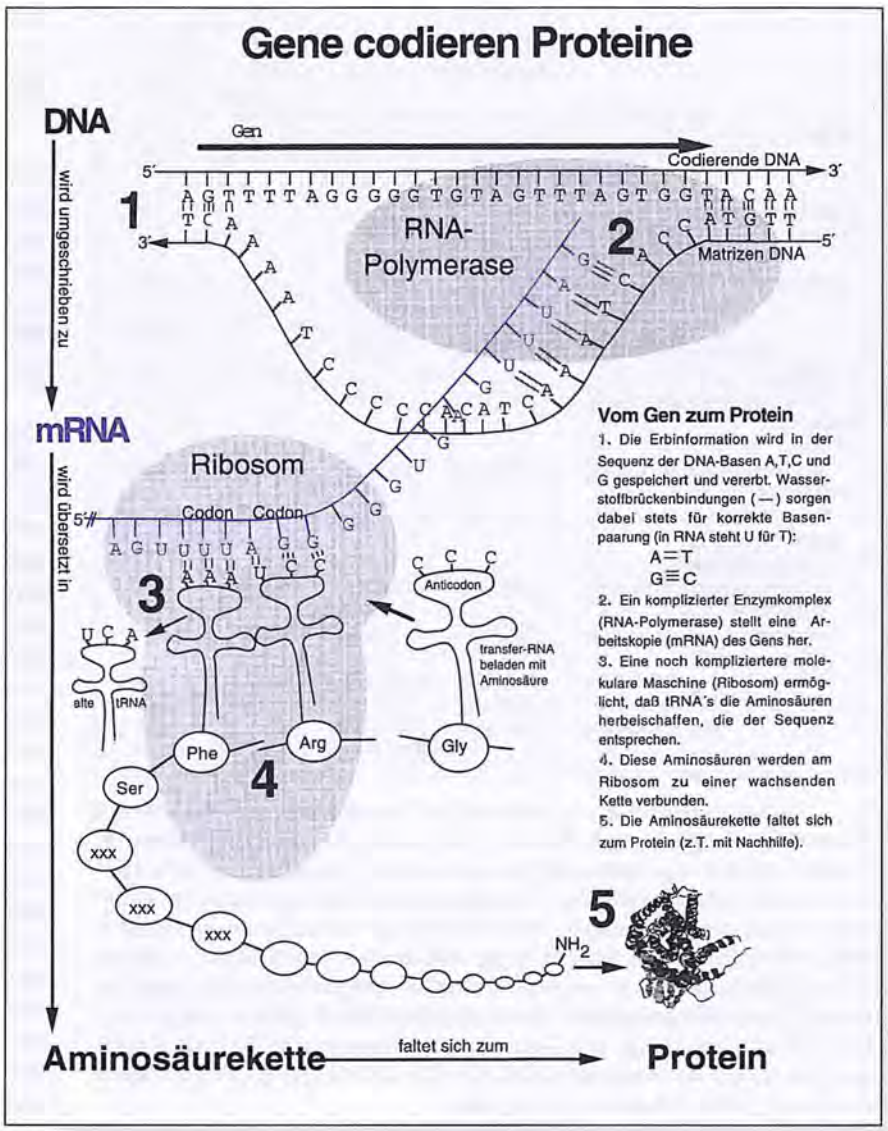


Abb. 1: Aus der Information in den Genen werden Proteine gebeut. Wichtige Schritte auf diesem komplizierten Weg sind durchnumeriert. Die Darstellung ist nicht maßstabsgetreu.

Woraus besteht ein Genom?

Ganz allgemein gesagt ist ein Genom zunächst einmal die Summe aller Gene eines Organismus und aller weiteren Sequenzen zwischen den Genen, die für Organisation und Regulation nötig sind. Physikalisch-chemisch gesehen besteht das Genom aus einem oder mehreren unheimlich langen (und daher unglaublich verwickelten) *ununterbrochenen* DNA-Fäden, die Chromosomen genannt werden. Prokaryontische Zellen besitzen meist ein einziges, ringförmiges Chromosom (neben wenigen kleinen DNA-Molekülen, die Plasmide genannt werden). Eukaryontengenome bestehen meist aus mehreren fadenartigen Chromosomen mit charakteristischen Organisationsmerkmalen an ihrem Zentrum und an ihren Enden. Wenn Eukaryontenzellen mehrere Kopien ihres Genoms enthalten, dann nennt man sie polyploid; meistens enthalten sie zwei Kopien von jedem Chromosom und sind somit diploid. Die Angaben über Genomlänge und Genanzahl in Tab. 1 beziehen sich auf eine einfache Kopie des Genoms (haploid).

	Genomlänge in Basenpaaren	Gene insg. (ca.)	Letale Gene (im Labor)	Gene in Protein-Familien
Viren				
Qß-Bakteriophage	4.220	4	≈ 100 %	≈ 0 %
T4-Bakteriophage	166.000	150		
Organismen				
Bacteria				
Mycoplasma genitalium	580.070	470		
Haemophilus influenzae Rd	1.830.137	1.743		≈ 30 %
Bacillus subtilis	4.200.000	3.700		
Escherichia coli	4.700.000	4.100		≈ 46 %
Myxococcus xanthus	9.450.000	8.000		
Archaea				
Methanococcus jannaschii	1.739.933	1.738		
Eucarya				
Pilze				
Saccharomyces cerevisiae	13.389.000	>5.885	≈ 30 %	≈ 14 %
Pflanzen				
Arabidopsis thaliana	≈ 100 Mio.	≈ 25.000	? 2 %	
Tiere / Mensch				
Fadenwürmer				
Caenorhabditis elegans	100 Mio.	14.000	≈ 23 %	
Gliederfüßer				
Drosophila melanogaster	165 Mio.	≈ 12.000	≈ 30 %	
Chordaten				
Fugu rubripes	400 Mio.	≈ 70.000	?? 7 %	
Mus musculus	3.300 Mio.	≈ 70.000	? 25 %	
Homo sapiens	3.300 Mio.	? 50.000 ? >100.000		

Tab. 1: Systematik, Genomgröße (=Summe aller Chromosomen und Plasmide) und Genanzahl (nur vorhergesagte Proteine) einiger aktueller Modellorganismen im Überblick. Kürzlich sequenzierte Organismen sind kursiv gesetzt. Die Angaben entsprechen dem jeweiligen Stand der Forschung und sind auf ein idealisiertes Individuum der jeweiligen Art bezogen. Neue Erkenntnisse oder auch nur eng verwandte Individuen können daher zu geringfügig anderen Ergebnissen führen. „≈" deutet größere Ungenauigkeiten an, während „?" auf die Fragwürdigkeit des besten bisher verfügbaren Wertes hindeutet. Quellenangaben: Alle Angaben aus MIKLOS et al. (1996) bis auf: Genomlänge und Genanzahl M.g.: FRASER et al. (1995), H.i.: FLEISCHMANN et al. (1995), M.j.: BULT et al. (1996), S.c.: GOFFEAU et al. (1996). Viren: Genomlänge: EIGEN (1993); Genanzahl: STRYER (1990).

Ein weiterer Gesichtspunkt, unter dem ein Genom betrachtet werden kann, ist die Art von Sequenzen, die es enthält. Dabei fallen vor allem drei große Gruppen auf (LEWIN 1994):

- Sequenzen, die nur einmal vorkommen (nicht-repetitiv). Hierzu gehören die meisten strukturellen Gene, auch wenn manche von ihnen Ähnlichkeiten zueinander besitzen und daher zu einer Proteinfamilie gehören.
- Sequenzen, die öfter vorkommen und länger sind (mäßig repetitiv). Diese Sequenzen sind oft durch Genduplikationen entstanden und können hinterher durch weitere Mutationen verändert worden sein, sie müssen also nicht völlig identisch sein. Hierzu gehören neben „gewöhnlichen" Duplikationen beispielsweise auch Retrotransposons und Retroviren, die sich selbst im Genom vermehren.
- Sequenzen, die sehr oft vorkommen und kurz sind (hoch repetitiv). Manche dieser Sequenzen besitzen Funktionen an den Enden der Chromosomen und in ihrem Zentrum.

Drei der kürzlich sequenzierten Genome (die Bacteria und das Archaeon) besitzen auf ihrem einzigen, ringförmigen Chromosom kaum repetitive Sequenzen, während diese bei Eukaryonten ausgesprochen häufig sein können. Dies schlägt sich auch in der Dichte der Gene auf der DNA nieder:

Während in den Prokaryonten etwas mehr als 1 Kilobase Sequenz pro Gen[3] benötigt wird, benutzt die Hefe auf ihren 16 Chromosomen im Durchschnitt ca. 2 Kilobasen für ein Gen. Dennoch ist das Genom der Hefe sehr kompakt. *Caenorhabditis elegans* trägt ca. alle 6 Kilobasen ein Gen und beim Menschen sollen es gar 30 Kilobasen oder mehr sein (GOFFEAU et al. 1996).

Da ein Genom mindestens die Summe seiner Gene ist, wird in Tab. 2 ein Überblick über die 318 identifizierten Gene der einfachsten bekannten Zelle gegeben. Da für *Mycoplasma genitalium* 470 protein-codierende Regionen vorhergesagt wurden, müssen 152 Gene vorerst als unbekannt oder als nur hypothetisch zugeordnet gelten. Diese sind daher auch nicht in Tab. 2 aufgeführt, weshalb diese Tab. 32% kürzer ist, als sie eigentlich sein sollte – ein deutlicher Hinweis auf unser gegenwärtiges Nicht-Wissen. Hinter jeder größeren Funktions-Kategorie ist angegeben, wie viele Proteine von *Mycoplasma genitalium* dieser Kategorie zugeordnet werden konnten und wie viele es bei *Haemophilus influenzae* waren. Dies soll einen Vergleich mit Bakterien ermöglichen, die nicht ganz so von ihrer Umwelt abhängig sind wie das parasitäre *M. genitalium.* (Fast alle Aminosäuren und Glukose (oder evtl. auch andere Zucker) bezieht es von seinem Wirt.) Eine entsprechende Genliste für „normale" Bakterien, die heutzutage auch alleine zurechtkommen, ist mehr als dreimal länger. Um einen Eindruck von der Fülle der vorhandenen und aufeinander abgestimmten Funktionen zu bekommen, genügt allerdings auch Tab. 2.

Besonderheiten der ersten fünf sequenzierten Organismen

***Haemophilus influenzae* Rd** ist der nicht-infektiöse Stamm von *Haemophilus influenzae,* einem nicht beweglichen, gramnegativen Bakterium, welches bisher nur im Menschen als natürlichem Wirt bekannt ist. Seine verschiedenen Stämme befallen vor allem die Atemwege (FLEISCHMANN et al. 1995). Obwohl im Vergleich zu *Mycoplasma genitalium* noch eine große Vielfalt an Stoffwechselwegen vorhanden ist, ist die parasitäre Lebensweise doch unverkennbar: Ein freilebender Organismus könnte sich wohl kaum auf Dauer den Verlust von drei Schlüsselenzymen des Zitratzyklus, der zentralen Drehscheibe des Stoffwechsels, leisten. *H. influenzae* erwartet statt dessen einfach 1g Glutamat pro Liter von seinem Wirt.

Mycoplasma genitalium ist ein sehr kleines, grampositives Bakterium mit dem kürzesten bekannten Genom und sehr speziellen Anpassungen an seinen Wirt. *M. genitalium* konnte seine Genomgröße außerordentlich stark reduzieren, da viele der benötigten Stoffwechselprodukte vom Wirt zur Verfügung gestellt werden. Dafür benötigt es aber für das Überleben unbedingt eine intelligente Abwehr des Wirts-Immunsystems, weshalb bis zu 4,5 % des Genoms für eben diesen Zweck verwendet werden könnten (GOFFEAU 1995). Da andere *Mycoplasma*-Arten (gleiche Gattung!) Genomgrößen mit mehr als 1 Megabase besitzen (DYBVIG et al. 1996), kann vermutet werden, daß die Reduktion der Genomgröße durch Mikroevolution erfolgte und bei den einzelnen Entwicklungslinien jeweils (dem Habitat entsprechend) zu unterschiedlichen Resultaten führte. Diese Hypothese sollte sich durch einen Vergleich der Anordnung der Gene im Genom überprüfen lassen: Durch Übereinanderlegen sollte sich eine ursprüngliche Gen-Anordnung festlegen lassen, die hauptsächlich durch unterschiedliche Deletionen (Verluste) zu den verschiedenen Genomen führt (andere Mutationen sollten dieses Bild in der gegebenen Zeit noch nicht allzusehr verwischt haben können). Doch auch unabhängig von dieser Überlegung wird von einer sekundären Entwicklung des Parasitismus bei *M. genitalium* (und *H. influenzae*) ausgegangen (MANILOFF 1996). Das bedeutet, daß beide Organismen von Lebensformen abstammen (sollen?), die einmal weitgehend selbständig zurechtgekommen sind – ohne Wirt. Weiterhin bemerkenswert ist bei *Mycoplasma genitalium:*

Unerwartete Ordnung im Genom: Die Gene „rechts" von dem vermuteten Replikationsursprung werden vorwiegend vom „plus"-Strang der DNA abgelesen, während die Gene „links" davon meist vom gegenüberliegenden „minus"-Strang abgelesen werden (GOFFEAU 1995). Eine solche Ordnung ist in *Haemophilus influenzae* nicht zu beobachten (FRASER et al. 1995), wäre aber für weitere *Mycoplasma*-Arten durchaus zu erwarten, wenn diese wirklich durch Mikroevolution auseinander hervorgegangen sind.

Die Funktion vieler Gene ist unbekannt.

Abweichungen vom Universalen Genetischen Code: In *M. genitalium* codiert UGA für die Aminosäure Tryptophan, anstatt die Translation abzubrechen (Stoppcodon). Bei einem aus makroevolutiver Sicht zu fordernden Übergang vom universalen zu diesem speziellen Code würden alle UGA-Stoppcodons nicht mehr das Ende eines Proteins bedeuten, was zumindest in einigen Fällen zu Problemen bei der Faltung (und damit bei der Funktion) führen dürfte. [4]

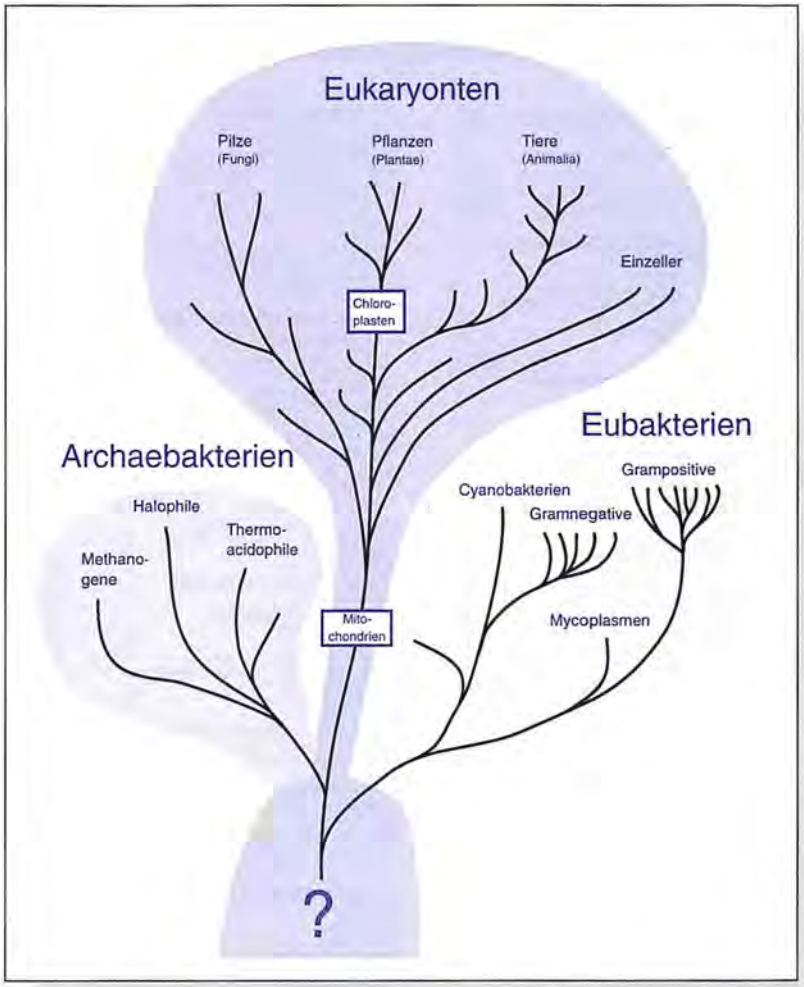


Abb. 2: Schematische Darstellung der drei Domänen des Lebens. Nach TØRTORA et al. (1992), S. 253.

Methanococcus jannaschii, das Archaeon, wurde ursprünglich aus einem 2600 Meter tiefen Sediment in der Nähe eines „weißen Rauchers" isoliert. Es wächst bei mehr als 200 bar und Temperaturen von 48-94 °C (Optimum bei 85 °C), verträgt keinen Sauerstoff und gewinnt seine Energie aus der Umsetzung von CO_2 mit H_2 zu Methan (BULT et al. 1996).

Abweichungen vom Universalen Genetischen Code: In *M. jannaschii* codiert UGA für die „21." Aminosäure Selenocystein, anstatt die Translation abzubrechen (Stoppcodon).

Merkmalskonflikte zwischen Archaea, Bacteria und Eucarya: Ursprünglich wurden die Archaea als dritte Domäne des Lebens eingeführt, weil ihre ribosomale RNA eher den Eukaryonten glich als den damals bekannten Prokaryonten (FOX et al. 1977; WOESE et al. 1990). Diese Beobachtung hat sich bestätigt: Nicht nur die rRNA, sondern auch erstaunlich viele Proteine, die am Abschreiben, Übersetzen und Kopieren von DNA beteiligt sind, ähneln eher denen der Eucarya als denen der Bacteria – sofern es sich nicht gerade um archaeaspezifische Proteine handelt. In diesem Sinne hatte WOESE recht, als er die neue Domäne einführte. Im Energiestoffwechsel und in der Stickstoffixierung

Die vorläufig identifizierten Gene von *Mycoplasma genitalium*

Aminosäure-Biosynthese 1(68)

Serin Familie %

- serine hydroxymethyltransferase (glyA) 55

Kofaktor-,prosthetische Gruppen- und Carrier- Biosynthese 5(54)

Fol-Säure

- 5,10-methylene-tetrahydorfolate DHase (folD) 33
- dihydrofolate RDase (dhfr) 33

Häm und Porphyrin

- protoporphyrinogen oxidase (hemK) 31

Thioredoxin, Glutaredoxin und Glutathion

- thioredoxin (trx) 36
- thioredoxin RDase (trxB) 39

Zell-Hülle 16(84)

Membranen, Lipoproteine und Porine

- fibronectin-BP (fnbA) 25
- membrane lipoprotein (tmpC) 31
- prolipoprotein diacylglyceryl Tase (lgt) 29

Oberflächenpolysaccharide, Lipopoly-saccharide und Antigene

- dTDP-4-dehydrorhamnose RDase (rfbD) 32
- lic-1-operon prt (licA) motif 28
- LPS biosyn prt (rfbV) motif 36
- surfaceprt antigen precursor (pag) motif 26
- TrsB 28

Oberflächenstrukturen

- 114 kDa prt, MgPa operon (mgp) 100
- attachmentprt, MgPa operon (mgp) 100
- cytadherence accessory prt (hmw1) 42
- cytadherence-accessory prt (hmw1) 39
- cytadherence-accessory prt (hmw1) 34
- cytadherence-accessory prt (hmw1) 53
- cytadherence-accessory prt(hmw1) 41
- surface exclusion prt (prgA) (Plasmid pCF10) 28

Zelluläre Prozesse 21(53)

Zellteilung

- cell division prt (ftsH) 50
- cell division prt (ftsY) 36
- cell division prt (ftsZ) 31
- mukB suppressor prt (smbA) 41

Zelltötung

- hemolysin (tlyC) 26
- pre-procytotoxin (vacA) 36

Chaperone

- heat shock prt (dnaJ) 34
- heat shock prt (dnaJ) motif 40
- heat shock prt (dnaJ) motif 34
- heat shock prt (gro EL) 52
- heat shock prt (grpE) 32
- heat shock prt 60-like prt (PggroES) 40
- heat shock prt 70 (hsp70) 57

Entgiftung

- thiophene and furan oxidizer (tdhF) 32

Protein und Peptid Sekretion

- GTP-binding membrane prt (lepA) 48
- haemolysin secretion ATP-BP (hylB) motif 35
- preprotein translocase (secA) 44
- preprotein translocase secY sub (secY) 39
- prolipoprotein signal peptidase (lsp) 32
- signal recognition particle prt (ffh) 43

Transformation

- competence locus E (comE3) motif 30

Zentraler Zwischen-stoffwechsel 6(30)

Abbau von Polysacchariden

- bifunctional endo-1,4-beta-xylanase xyla precursor (xynA) motif 38

Sonstige

- acetate kinase (ackA) 43
- glycerol kinase (glpK) 47
- glycerophosphoryl diester phosphodiesterase (glpQ) 30
- phosphotransacetylase (pta) 45

Phosphor-Verbindungen

- inorganic pyrophosphatase(ppa) 39

Energie Stoffwechsel 31(112)

Aerob

- glycerol-3-phospate DHase (GUT2) 43
- L-lactate DHase (ldh) 50
- NADH oxidase (nox) 39

ATP-Protonengradient-Energieumwandlung

- adenosinetriphosphatase (atpB) 36
- ATP Sase alpha chain (atpA) 63
- ATP Sase B chain (atpF) 37
- ATP Sase beta chain (atpD) 81
- ATP Sase C chain (atpE) 50
- ATP Sase delta chain (atpH) 34
- ATP Sase epsilon chain (atpC) 37
- ATP Sase gamma chain (atpG) 38

Glykolyse

- 1-phosphofructokinase (lfruK) 26
- 6-phosphofructokinase (pfk) 39
- enolase (eno) 54
- fructose-bisphosphate aldolase (tsr) 46
- glyceraldehyde-3-phosphate DHase (gap) 56
- phosphoglucose isomerase B (pgiB) 35
- phosphoglycerate kinase (pgk) 51
- phosphoglycerate mutase (pgm) 45
- pyruvate kinase (pyk) 35
- triosephosphate isomerase (tim) 40

Pentose-Phosphat-Stoffwechsel %

- 6-phosphogluconate DHase (gnd) 30
- transketolase 1 (TK 1) (tktA) 33

Pyruvat-Dehydrogenase

- dihydrolipoamide acetyltransferase (pdhC) 45
- dihydrolipoamide DHase (pdhD) 38
- pyruvate DHase E1-alpha sub (pdhA) 43
- pyruvate DHase E1-beta sub (pdhB) 55

Zucker

- D-ribulose-5-phosphate 3 epimerase (cfxEc) 33
- deoxyribose-phosphate aldolase (deoC) 83
- galactosidase acetyltransferase (lacA) 40
- phosphomannomutase (cpsG) 39

Fettsäure und Phospholipid-Stoffwechsel 6(25)

- 1-acyl-*sn*-glycerol-3-phosphate acetyltransferase (plsC) 32
- CDP-diglyceride Sase (cdsA) 38
- fatty acid/phospholipid synthesis prt (plsX) 29
- hydroxymethylglutaryl-CoA RDase (NADPH) 23
- lipase-esterase (lip1) 27
- phosphatidylglycerophosphate Sase (pgsA) 29

Purine, Pyrimidine, Nukleoside, und Nukleotide 19(53)

2´-Deoxyribonukleotid-Stoffwechsel

- ribonucleoside-diphosphate RDase (nrdE) 54
- ribonucleotide RDase 2 (nrdF) 50
- thymidylate Sase (thyA) 57

Nukleotid und Nukleosid Umwandlungen

- uridine kinase (udk) 34

Purin-Ribonukleotid-Biosynthese

- 5-guanylate kinase (gmk) 43
- adenylate kinase (adk) 32
- phosphoribosylpyroposphate Sase (prs) 44

Bergung von Nukleosiden und Nukleotiden

- adenine PRTase (apt) 34
- cytidine deaminase (cdd) 38
- cytidylate kinase (cmk) 40
- deoxyguanosine-deoxyadenosinekinase(l)sub2 30
- hypoxanthine-guanine PRTase (hpt) 38
- purine-nucleoside phosphorylase (deoD) 44
- thymidine kinase (tdk) 48
- thymidine phosphorylase (deoA) 53
- thymidylate kinase (CDC8) 28
- uracil PRTase (upp) 45

Zucker-Nukleotid Biosynthese und Umwandlung

- UDP-glucose 4-epimerase (galE) 34
- UDP-glucose pyrophosphorylase (gtaB) 48

Regulationsfunktionen 7(64)

- GTP-BP (gtp1) 47
- GTP-BP (obg) 40
- GTP-BP (era) 27

major sigma factor (rpoD) 28

- pilin repressor (pilB) 53
- pilin repressor (pilB) motif 49
- virulence-associated prt homolog (vacB) 29

Replikation 32(87)

Abbau von DNA

- ATP-dependent nuclease (addA) 27

DNA Replikation, Restriktion, Modifikation, Rekombination und Reparatur

- chromosomal replication initiator prt (dnaA) 31
- DNA gyrase sub A (gyrA) 100
- DNA gyrase sub B (gyrB) 99
- DNA helicase II (mutB1) 36
- DNA ligase (lig) 38
- DNA polymerase I (polI) motif 30
- DNA polymerase III (polC) 38
- DNA polymerase III alpha sub (dnaE) 32
- DNA polymerase III beta sub (dnaN) 100
- DNA polymerase III sub (dnaH) 49

DNA polymerase III sub (dnaH) motif 23

- DNA primase (dnaE) 27

DNA primase (dnaE) motif 26

- DNA topoisomerase I (topA) 39

enodnuclease IV (nfo) 29

- excinuclease ABC sub A (uvrA) 48
- excinuclease ABC sub B (uvrB) 48
- excinuclease ABC sub C (uvrC) 28
- glucose-inhibited division prt (gidA) 40
- glucose-inhibited division prt (gidB) 25
- Holliday junction DNA helicase (ruvA) 26
- Holliday junction DNA helicase (ruvB) 35

methylTase (ssoIM) 43

- recombination prt (recA) 47
- replicative DNA helicase (dnaB) 33

restriction-modification enzyme EcoD specificity sub(hsdS) 25

- S-adenosylmethionine Sase 2 (metX) 44
- single stranded DNA BP (ssb) 22
- DNA topoisomerase IV sub A (parC) 100
- DNA topoisomerase IV sub B (parE) 100
- uracil DNA glycosylase (ung) 33

Transkription 12(27)

Abbau von RNA

- ribonuclease 3 (rnc) 30
- RNase P C5 sub (mpA) 40

RNA Synthese, Modifikation und DNA Transkription

- ATP-dependent RNA helicase (deaD) 23
- ATP-dependent RNA helicase (deaD) 32

helicase (mot1) motif 44

- N-utilization substance prt A (nusA) 36
- RNA polymerase alpha core sub (rpoA) 31
- RNA polymerase beta sub (rpoB) 39
- RNA polymerase beta' chain (rpoC) 47

RNA polymerase delta sub (rpoE) 29

- RNA polymerase sigma A factor (sigA) 44
- transcription antitermination factor (nusG) 31

Translation 101(141)

Amino-acyl-tRNA Synthetasen und tRNA Modifikation

- Ala-tRNA Sase (alaS) 34
- Arg-tRNA Sase (argS) 34
- Asn-tRNA Sase (asnS) 41
- Asp-tRNA Sase (aspS) 41
- Cys-tRNA Sase (cysS) 34
- Glu-tRNA Sase (gltX) 43

Gly-tRNA Sase 36

- His-tRNA Sase (hisS) 31
- Ile-tRNA Sase (ileS) 33
- Leu-tRNA Sase (leuS) 43
- Lys-tRNA Sase (lysS) 46
- Met-tRNA formyltransferase (fmt) 24
- Met-tRNA Sase (metS) 38
- peptidyl-tRNA hydrolase homolog (pth) 38
- Phe-tRNA Sase alpha chain (pheT) 26
- Phe-tRNA Sase beta chain (pheS) 35
- Pro-tRNA Sase (proS) 23
- pseudouridylate Sase I (hisT) 27
- Ser-tRNA Sase (serS) 43
- Thr-tRNA Sase (thrSv) 39

tRNA (guanine-N1)-methylTase (trmD) 41

- Trp-tRNA Sase (trpS) 41
- Tyr-tRNA Sase (tyrS) 39
- Val-tRNA Sase (valS) 39

Abbau von Proteinen, Peptiden und Glykopeptiden

- aminopeptidase 45
- aminopeptidase P (pepP) 31
- ATP-dependent protease (lon) 44
- ATP-dependent protease binding sub (clpB) 48

glutamic acid specific protease (SPase) 29

IgA1 protease 32

- oligoendopeptidase F (pepF) 30

proline iminopeptidase (pip) 38

proline iminopeptidase (pip) 29

- sialoglycoprotease (gcp) 36
- trigger factor (tig) 25

Proteinmodifikation und Translationsfaktoren

- elongation factor G (fus) 59
- elongation factor P (efp) 26
- elongation factor Ts (tsf) 39
- elongation factor TU (tuf) 100
- formylmethionine deformylase (def) motif 37
- initiation factor 1 (infA) 49
- methionine amino peptidase (map) 36

peptide chain release factor 1 (RF-1) 43

prt phosphatase 2C homolog (ptc1) motif 28

prt serine-threonine kinase motif 34

- prt synthesis initiation factor 2 (infB) 46
- ribosome releasing factor (frr) 35
- transcription elongation factor (greA) 40
- translation initiation factor IF3 (infC) 31

Ribosomale Proteine: Synthese und Modifkation

- ribosomal prt L1 48
- ribosomal prt L10 30
- ribosomal prt L11 52
- ribosomal prt L13 40
- ribosomal prt L14 63
- ribosomal prt L15 42
- ribosomal prt L16 64
- ribosomal prt L17 35
- ribosomal prt L18 43
- ribosomal prt L19 49
- ribosomal prt L2 58
- ribosomal prt L20 58
- ribosomal prt L21 38

ribosomal prt L21 homolog 100

- ribosomal prt L22 49

ribosomal prt L23 39

- ribosomal prt L24 45
- ribosomal prt L27 64
- ribosomal prt L28 36
- ribosomal prt L29 42
- ribosomal prt L3 43
- ribosomal prt L31 37
- ribosomal prt L32 48
- ribosomal prt L33 58
- ribosomal prt L34 67

ribosomal prt L35 60

ribosomal prt L36 78

- ribosomal prt L4 39
- ribosomal prt L5 58
- ribosomal prt L6 46

ribosomal prt L7/L12 (`A`type) 48

- ribosomal prt L9 33
- ribosomal prt S10 49
- ribosomal prt S11 48
- ribosomal prt S12 75
- ribosomal prt S13 63
- ribosomal prt S14 70
- ribosomal prt S15 48
- ribosomal prt S16 49
- ribosomal prt S17 51
- ribosomal prt S18 45
- ribosomal prt S19 59
- ribosomal prt S2 35
- ribosomal prt S3 47
- ribosomal prt S4 43
- ribosomal prt S5 56
- ribosomal prt S6 24

ribosomal prt S6 modification prt (rimK) motif 31

- ribosomal prt S7 65
- ribosomal prt S8 47
- ribosomal prt S9 52

rRNA methylase 39

Transport+Bindeproteine 34(123)

Aminosäuren, Peptide und Amine

aromatic amino acid transport prt (aroP) 25

- membrane transport prt (glnQ) 37
- membrane transport prt (glnQ) 32
- oligopeptide transport ATP-BP (amiE) 48
- oligopeptide transport ATP-BP (amiF) 47
- oligopeptide transport permease prt (dciAC) 33
- oligopeptide transport permease prt (oppB) 28
- spermidine-putrescine transport ATP-BP(potA) 42
- spermidine-putrescine transport permease prt (potB) 27
- spermidine-putrescine transport permease prt (potC) 29

Anionen

- peripheral membrane prt B(pstB) 51

peripheral membrane prt U (phoU) 27

- periplasmic phosphate permease homolog (AG88) 31

Kohlehydrate, organische Alkohole und Säuren

- ATP-BP (msmK) 41
- fructose-permease IIBC component (lruA) 43
- glycerol uptake facilitator (glpF) 36

hexosephosphate transport prt (uhpT) 31

- membrane prt (msmF) 22

membrane prt (msmG) 27

- methylgalactoside permease ATP-BP (mglA) 33
- PEP-dependent HPr prt kinase phosphoryltransferase (ptsI) 46
- phosphohistidinoprotein-hexose phosphotransferase (ptsH) 49
- phosphotransferase enzyme II, ABC component (ptsG) 43

PTS glucose-specific permease 25

- ribose transport permease prt (rbsC) 27

Kationen

cation-transporting ATPase (pacL) 34

Sonstige

- ATP-BP P29 32

high affinity transport prt P37 (P37) 36

- lactococcin transport ATP-BP (lcnDR3) 22
- Na+ ATPase sub J (ntpJ) 31
- transport ATP-BP (msbA) 28
- transport ATP-BP (msbA) 32

transport permease prt P69 (P69) 28

- transport permease prt P69 (P69) motif 40

Sonstige Kategorien 27(93)

Anpassungen und untypische Bedingungen

osmotically inducible prt (osmC) 28

phosphate limitation prt (sphX) 31

SpoOJ regulator motif 27

- spore germination apparatus prt (gerBB) motif 31

sporulation prt (outB) motif 36

Resistenzen

- high-level kasgamycin resistance (ksgA) 36

Sonstige

- 115 kD prt (p115) 33

29 kDa prt, MgPa operon (mgp) 62

- heterocyst maturation prt (devA) 35
- heterocyst maturation prt (devA) 40

hydrolase (aux2) 32

hypothetical prt (GB: M31161_3) 22

- macrogolgin 25
- magnesium chelatase 30 kD sub (bchO) 27
- membrane-associated ATPase (cbiO) 30

mobilization prt (mob13) motif 31

- nitrogen fixation prt (nifS) 26

nodulation prt F (nodF) 35

p48 eggshell prt (p48) 23

PET 112 prt 31

pre-B cell enhancing factor (PBEF) 34

prt L 31

- prt V (fcrV) 28
- prt X 29
- sensory rhodopsin II transducer (htrII) motif 16
- small prt (smpB) 33

UV protection prt (mucB) 22

Summe aller oben identifizierten Proteine 318 (1014)

Summe aller unidentifizierten Gene 152 (736)

Anzahl völlig unbekannter Gene 96(389)

Anzahl hypothetischer Gene 56(347)

Gesamtsumme:

Gene in Mycoplasma g. 470

(Gene in Haemophilus i. 1 750)

Tab. 2: Die vorläufig identifizierten Gene von Mycoplasma genitalium. *Die Summe der Gene von jeder Typ-Kategorie ist angegeben (die Werte von* Mycoplasma *sind eingeklammert). Markierte Proteine (*) besitzen Ähnlichkeit zu* Haemophilus. *Die Zahl gibt % identische Aminosäuren zwischen* M.g. *und dem identifizierenden Datenbank-Gen an. Abkürzungen: BP=Bindeprotein; DHase=Dehydrogenase; prt=Protein; PRTase=PhosphoribosylTase; Rdase=Reduktase; Tase=Transferase; Sase=Synthetase; sub=subunit. Die Gennamen wurden der Eindeutigkeit halber nicht übersetzt. Nach* Fraser *et al. (1995) Science 270:397f.; dort auch* M. genitalium*-Gen-Identifikationsnummern. Mehr im Internet unter http://www.tigr.org/tdb/mdb/*

traten dagegen auch Proteine zu Tage, die eher den Bacteria ähneln als den entsprechenden Vertretern der Eucarya (Bult et al. 1996). Nun stellt sich im makroevolutiven Kontext die Frage, was ursprünglich und was konvergent evolviert ist: Stoffwechsel und grobe Zellstruktur oder Ribosomen und informationsverarbeitende Proteine? In beiden Fällen erscheint eine doppelte evolutive Entstehung sehr unwahrscheinlich, da viele unterschiedliche Proteine auf gleiche Weise hätten umgebaut werden müssen.[5]

Unbekannte Proteine: Nur 38% der vorhergesagten Gene von *Methanococcus* konnten sicher in den bekannten Datenbanken identifiziert werden. Damit haben mehr als die Hälfte aller Gene der Archaea eine bisher völlig unbekannte Funktion.

Saccharomyces cerevisiae, die Bierhefe, ist einer der einfachsten Eukaryonten. Einen Eindruck davon vermittelt Abb. 3. Die 16 Chromosomen dieses Pilzes lieferten schätzungsweise ca. 3000 Gene (50%), die keinem heute schon (woher auch immer) bekannten Protein zugeordnet werden können. Unter den wiedererkannten Genen lösten einige großes Erstaunen aus: Wer hätte vorher gedacht, daß fast die Hälfte der Proteine, von denen man weiß, daß ihre Defekte beim Menschen Erbkrankheiten auslösen, ein ähnliches Gegenstück in der Hefe besitzen? (Dies ist selbstverständlich für die Pharmaindustrie von besonderem Interesse...)

Die nächste große Herausforderung in der Hefeforschung wird sein, die Funktion aller 5885 vermuteten Gene im Detail aufzuklären. Eine immense Arbeit, die sich jedoch mit dem Vorliegen der Sequenz wesentlich einfacher gestaltet als bisher. Dabei ist eine der großen Fragen, welche biologische Bedeutung den vielen, ähnlichen Genen der Hefe in ihrem normalen Leben zukommt (Goffeau et al. 1996).

Escherichia coli, das menschliche Darmbakterium (Abb. 4) wurde erst als fünfter Organismus vollständig sequenziert. Obwohl an diesem Modellorganismus mehr Forscher arbeiteten als an irgendeinem anderen der oben genannten, dauerte die Fertigstellung wegen mangelnder Koordination erstaunlich lange. Hauptgrund dürfte wohl gewesen sein, daß die meisten Forscher *E. coli* nach dem eingangs genannten genzentrierten Ansatz untersucht haben. Daher ist aber auch schon von vielen *E. coli*-Genen aus dem Experiment bekannt, welche Funktion sie besitzen.

Auf der Suche nach der Urzelle

Die Kenntnis des vollständigen Genoms einer Zelle wirft auch noch auf ein anderes Gebiet besonderes Licht, vor allem, wenn dieses Genom von der einfachsten bekannten Zelle stammt: Wie entstand das Leben überhaupt? Seit langer Zeit wird diskutiert, welche minimalen molekularbiologischen Gegebenheiten vorliegen müssen, damit ein biologisches System überhaupt als „Leben" bezeichnet werden kann. Dabei wird allgemein davon ausgegangen, daß diese Kernfrage beantwortet ist, sobald irgendein noch so primitives System vorliegt, welches seinen Phänotyp (Gestalt und Stoffwechsel) genetisch codieren kann und damit zu darwinischer Evolution befähigt ist (z.B. de Duve 1994, S.235). Weitere Evolution nach Darwin soll dann zu immer besser angepaßten Formen bzw. zum Erwerb neuer Strukturen führen. Viele Evolutionstheoretiker gehen davon aus, daß die Umweltbedingungen stets so geartet waren, daß sich die evolvierenden Lebewesen langsam den heutigen Formen nähern konnten. Da jedoch weder die jeweiligen Umweltbedingungen in der Erdgeschichte, noch die Reaktionen der damaligen Lebewesen darauf bekannt sind, liegt dieser vermutete Weg vom „Bakterium zum Menschen" völlig im Dunkeln. Wie Scherer (1996) gezeigt hat, zeichnen sich zudem erhebliche Probleme bei einer mechanistischen Erklärung dieser molekularen Evolution der Einzeller ab.

Abb. 3: Saccharomyces cerevisiae *(1600 fach)*

Abb. 4: Escherichia coli *(2000 fach)*

Mit dem Bekanntwerden des vollständigen Genoms von *Mycoplasma genitalium* wurden in diese Diskussion einige sehr wichtige Fakten eingebracht. Die Frage, wie viele Gene für die einfachste moderne Zelle nötig sind, hat heute eine einfache Antwort: höchstens 470, denn offensichtlich kommt *M. genitalium* damit aus – wenn auch nur in einem sehr speziellen Kontext, der für eine hypothetische Urzelle so nicht gegeben sein konnte, da *M. genitalium* Parasit ist, also „höheres" Leben benötigt. Mushegian und Koonin (1996) fragten sich nun, ob dieser Satz von Enzymen nicht weiter reduziert werden könnte, ohne das grundsätzlich moderne Design einer solchen hypothetischen Zelle zu verändern. Sie untersuchten die Genome von *Mycoplasma genitalium* und *Haemophilus influenzae* mit eigenen Methoden und identifizierten 468 bzw. 1703 Protein-codierende Gene. (Die Abweichungen zu vorher genannten Werten ergeben sich aus der Schwierig-

keit, unbekannte Gene zu erkennen.) Nun nahmen sie an, daß *M. genitalium* als gram-positives und *H. influenzae* als gram-negatives Bakterium eine schon seit langem getrennte evolutionäre Geschichte haben, in der beide vor allem solche neuen Gene erwarben, die für die wirklichen Grundfunktionen der Zelle praktisch jederzeit ersatzlos gestrichen werden könnten. Daher wählten sie alle 240 Gene, die in beiden Bakterien gemeinsam vorkommen, als Basis für eine minimale, funktionierende, moderne Zelle aus. Nun nahmen sie noch zwei Korrekturen vor: Zum einen mußten 22 Proteine hinzugenommen werden, die zwar für die Stoffwechselwege von *M. genitalium* notwendig waren, aber keine Ähnlichkeit zu *H. influenzae* besaßen. Dafür wurden 6 Gene aus der resultierenden Liste gestrichen, weil sie sonst entweder doppelt vorkämen oder weil sie Funktionen ausüben, die für die parasitäre Lebensweise von *Mycoplasma genitalium* charakteristisch sind. Daraus ergibt sich eine Liste von 256 Proteinen, die für eine Zelle modernen Typs in etwa ausreichen soll. (Tab. 2 liefert einen Eindruck von der Menge und Vielfalt der 318 identifizierten Gene von *Mycoplasma genitalium;* die ursprünglich entdeckten (Fraser et al. 1995) Ähnlichkeiten zwischen *Mycoplasma genitalium* und *Haemophilus influenzae* sind mit „*" markiert.)

Die einfachste bekannte Zelle besitzt immer noch mehrere hundert Gene.

Da die meisten dieser Proteine Ähnlichkeiten zu entsprechenden Vertretern bei den Archaea und bei den Eucarya besitzen, dies aber für sieben Schlüsselenzyme der DNA-Replikation nicht gilt, spekulieren Mushegian und Koonin (1996), daß der letzte gemeinsame Vorfahr dieser drei Domänen ein Genom aus RNA hatte. Davon ausgehend schlugen sie vor, wie weitere Gene eingespart werden könnten. Falls die Ursuppe für eine ausreichende Konzentration von allen Aminosäuren, Fettsäuren, RNA- und DNA-Bausteinen sorgen könnte, und die betreffende Zelle sich mit einem RNA-Genom zufrieden geben könnte, würden möglicherweise auch 128 Gene ausreichen (Pennisi 1996). Einer so nahrhaften Ursuppe fehlt jedoch jede experimentelle und theoretische Grundlage, ebenso wie der Vermutung, die richtigen 128 DNA-Stücke und Proteine könnten dort je von selbst entstehen und zueinanderfinden (Vollmert 1985; Shapiro 1987; Shapiro 1988; Joyce 1989).

Sollten diese Gene in ihrer Länge mit denen von *Mycoplasma genitalium* vergleichbar sein, dann ergäbe sich daraus eine minimale Genomlänge von ca. 160.000 Basenpaaren (bp). Dies ist eine außergewöhnliche Größe für ein RNA Genom, etwa 10 mal größer als die größten bekannten RNA-Viren und mit Sicherheit viel zu groß für realistische Ursuppenszenarien. Damit ein solches Genom auf Dauer überlebensfähig wäre, benötigte es eine RNA-Polymerase, die mehr als 10 mal genauer kopieren würde als heute bekannte RNA-Polymerasen, und selbst dann würde diese Zelle sich ständig am Rande der Fehlerkatastrophe bewegen (Eigen 1993). Daß diese eine ernste Bedrohung für Organismen ohne regelmäßige Rekombination darstellen kann, wurde nicht nur theoretisch (Maynard Smith 1978; Lynch et al. 1995), sondern auch experimentell nachgewiesen (Escarmis et al. 1996). Da jedoch vielfach betont wird (de Duve 1994), daß am Anfang der Evolution einfache und unspezifische (d.h. ungenaue) Enzyme standen, ist nicht einzusehen, wie eine solche Protozelle längere Zeiträume hätte überleben können. In diesem Zusammenhang mag von Interesse sein, daß manche makroevolutionäre Szenarien die steigende Kopiergenauigkeit der DNA-Replikation für den Anstieg der Anzahl der Gene entlang der Linie Prokaryont – Eukaryont – Wirbeltier verantwortlich machen (Bird 1995).

Weitere Vorschläge und Experimente zur Bestimmung einer minimalen Genzusammenstellung führen zu längeren (und wohl auch funktionstüchtigeren) Genomen (Maniloff 1996; Pennisi 1996), die jedoch alle noch unter der 1000-Gen-Marke liegen. Ob diese Minimalorganismen auch in freier Natur überleben könnten, fernab von allen künstlichen Nährmedien und natürlichen Wirten, steht auf einem völlig anderen Blatt, da einerseits das Genom von vielfach abhängigen Parasiten als Ausgangspunkt gewählt wurde und andererseits die durchgeführten Mutagenesestudien im Labor stattfanden (Maniloff 1996). In beiden Fällen ist die Umgebung schonender als unter den instabilen Umständen des rauhen Mikrobenalltags. Schon *Mycoplasma genitalium* braucht trotz seiner 470 Gene praktisch alle 20 Aminosäuren und kann möglicherweise nur auf Glukose wachsen, da die Verarbeitungswege für geringfügig andere Zucker evtl. nicht vorhanden sind (Fraser et al. 1995). Anschaulich gesagt: Selbst in einem Wasserglas mit Haushaltszucker und typischer Multivitamintablette würde *Mycoplasma genitalium* verhungern (da dort z.B. die Aminosäuren fehlen).

Wieviel Gene braucht man mindestens, um...

... gerade zu überleben oder um auch noch flexibel zu sein? Nachdem oben diskutiert wurde, wieviele Gene für die (unter günstigsten Umständen) einfachste Zelle nötig sein könnten, soll hier kurz diskutiert werden, wie viele Gene für manche Organismen einer bestimmten Organisationshöhe unabdingbar sind. Hier sind keine gesicherten Angaben möglich, da man eigentlich jedes Gen einzeln und in bestimmten Kombinationen mit anderen ausschalten müßte. Zu den in Tab. 1 genannten groben Abschätzungen gelangt man jedoch durch Mutagenesestudien, in denen viele Gene der Reihe

nach ausgeschaltet wurden und bei denen man bei einem bestimmten Bruchteil beobachten konnte, daß dies zu einem Abbruch der Vermehrung bzw. der Embryonalentwicklung führte. In den Fällen, wo diese Angaben einigermaßen verläßlich erscheinen, ist etwa 1/3 aller Gene des jeweiligen Organismus für sein Überleben unter Laborbedingungen unerläßlich (MIKLOS et al. 1996). Die Evolution unabdingbarer Gene bringt nicht geringe Schwierigkeiten mit sich, da zum einen für den Beginn der Evolution überhaupt ein funktionsfähiges Set von Genen nötig ist, bei dem alle wirklich wichtigen Gene schon vorliegen müssen. Zum anderen können neue Gene nur evolvieren, wenn sie die Fitness der schon existierenden Zusammenstellung nicht gefährden. Dies bedeutet, daß sich die Unabdingbarkeit mancher Gene erst im Lauf der Zeit, zusammen mit anderen, an ihnen angreifenden Strukturen entwickelt haben mußte.[6] In solchen Fällen müßten einige „glückliche Zufälle" für das Zusammentreffen aller nötigen Mutationen sorgen. Ob es je Populationen gegeben hat, die groß genug waren, um alle diese Zufälle wahrscheinlich zu machen, kann in einigen Fällen bezweifelt werden (SCHERER 1996).

Wozu die übrigen 2/3 aller Gene von den Organismen auch über einen längeren Zeitraum im Genom behalten werden, ist eine der großen Fragen der Biologie der Genome (GOFFEAU et al. 1996; LANDER 1996). Laborbedingungen unterscheiden sich von natürlichen Bedingungen im wesentlichen durch ihre Kontrollierbarkeit (und damit meist Konstanz), die dazu führt, daß nur bestimmte Gene benötigt werden, während in der Natur unter gelegentlich auftretenden Extrembedingungen auch seltene Gene benötigt werden können. Solche Effekte lassen sich, genauso wie geringfügige Fitnessveränderungen, im Labor nur schwer nachweisen (MIKLOS et al. 1996).

Doch nicht alle Genverluste sind mindestens unter speziellen Umweltbedingungen letal. Manche Gene ergänzen sich in ihrer Wirkung, so daß ein Selektionsnachteil nur auftritt, wenn mehrere Gene ausfallen. Dies wird daran deutlich, daß die phänotypischen Konsequenzen bei Ausfall eines Gens stark davon abhängen, welche Gene das Individuum sonst noch trägt (MIKLOS et al. 1996). Solche (mehrfach vorhandenen und aktiven) Gene stehen unter entsprechend der Kopienanzahl verringertem effektivem Selektionsdruck; dies wirft folgende wichtige Frage auf:

Wie können Gene evolvieren, deren Verlust fast folgenlos ist?

Für das Prinzip der Selektion gibt es genau definierte Grenzen. Zum einen operiert Selektion auf mehreren Ebenen (Organismus, Zellen, selbstreplizierende Genomteile), die sich ins Gehege kommen können (SZATHMÁRY et al. 1995; HURST et al. 1996), zum anderen sind der Stärke der Selektion in realen biologischen Populationen enge Grenzen gesetzt (im Gegensatz zu weitverbreiteten Computersimulationen hierzu). Sobald die Selektion nämlich zu stark wird, stirbt die betroffene Population aus (BÜRGER et al. 1995), ein tragischer Prozeß, der sich heutzutage ungezählte Male beim Aussterben von Arten wiederholt.

Der einzige Beurteilungsmaßstab der Selektion ist die momentane Fitness, d.h. die Anzahl der gezeugten Nachkommen in der nächsten Generation. Alle Mutationen, die sich nicht in einem meßbaren Unterschied der Zahl der Nachkommen auswirken, sind daher neutral, selbst wenn sie in anderen Situationen später extrem nützlich oder schädlich sind. Neutrale Mutationen breiten sich also unabhängig von allen Selektionsprozessen aus (KIMURA 1985; KIMURA 1987), so daß auf diese Weise sowohl langfristig potentiell positive als auch langfristig potentiell negative Mutationen in einer Population fixiert werden können. Man nennt diesen Prozeß auch genetische Drift. Über diesen Prozeß können sich also Mutationen einschleichen, die nicht so nachteilig sind, daß sie sofort aus der Population beseitigt werden, aber auch nicht wirklich neutral (oder gar positiv), so daß sie wenigstens keinen Schaden anrichten. Solche geringfügig schädlichen Mutationen können auf Genome in kleinen Populationen langfristig katastrophal wirken, da sie sich praktisch mit der gleichen Geschwindigkeit ausbreiten wie neutrale Mutationen sich in ihrer Wirkung jedoch addieren (LYNCH et al. 1995).

Anschaulich gesagt: Ein Schmetterling, der schlechter sehen kann, als andere, hat zwar gelegentlich Nachteile im Leben, doch hindert ihn das nicht unbedingt am Zeugen von Nachkommen. Gleiches gilt, falls er schlechter fliegen kann. Wenn jedoch irgendwann einmal nur noch Individuen mit schlechten Augen und schlechten Flugfähigkeiten vorhanden sind (weil sich diese durch Gendrift ausgebreitet haben), dann hat die absolute Fitness dieser Art noch mehr abgenommen. Häufen sich solche Mutationen, dann stirbt die Art aus, da die Fähigkeit Nachkommen zu zeugen im Laufe der Zeit abnimmt bzw. verloren geht. Eine absolute Fitness von weniger als 1 kann sich keine Art auf Dauer leisten, da sonst nicht genügend Nachkommen gezeugt werden, um die Vorfahren zu ersetzen.

Gene, deren Totalausfall keine meßbare Wirkung auf die Anzahl der Nachkommen hat, stehen daher effektiv nicht unter Selektionsdruck. Ihre Evolution ist also von genetischer Drift geprägt und führt somit nicht zu einer funktionalen Anpassung der betreffenden Strukturen im Laufe der Zeit. Woher kommen solche Strukturen dann? Wenn nicht verborgene oder vergangene Selektionsdrücke dafür verantwortlich sind, bleibt diese Frage im Rahmen der bisherigen Makroevolutionshypothese offen. Welche evolutive Geschichte die einzelnen Gene

der hier vorgestellten Organismen haben könnten, ist eine Frage, für deren Beantwortung noch einiges zu tun sein wird.

Perspektiven

Zum ersten Mal in der Geschichte der biologischen Forschung können heute ganze Genome im Überblick miteinander verglichen werden. Sobald zwei Genome eines Grundtyps zugänglich sind, wird man die Wirkung mikroevolutiver Prozesse auch auf dieser Ebene analysieren können. Dabei ist zu erwarten, daß Genome eines Grundtyps einander deutlich ähnlicher sind als Genome verschiedener Grundtypen. Mikroevolutive Veränderungen müßten damit im Prinzip – auch im genomweiten Überblick – molekular und populationsgenetisch nachvollziehbar werden.

Vorerst werden vermutlich jedoch eher Genome sequenziert werden, die für solche Untersuchungen zu weit auseinanderliegen (z.B. *Drosophila* – Mensch). Auf Bakterienebene könnte obiges Ziel am ehesten noch in absehbarer Zeit gelingen.

Prinzipiell hat das Tappen im Dunkeln wenigstens soweit ein Ende, als man nun die Größe der weißen Flecken auf den Genomkarten genau benennen kann. Über verschiedene gentechnische Methoden kann man deren Funktionen in jedem Fall wesentlich einfacher als früher herausfinden. Nach der Genomsequenzierung werden umfangreiche Struktur-Funktions-Analysen folgen, um die neu gefundenen Gene verstehen zu können (LANDER 1996):

- Welche verschiedenen Kopien dieses Gens mit welchen Funktionen gibt es in den natürlichen Populationen?
- Wann und wo wird dieses Gen im Organismus benötigt?
- Was geschieht beim Ausschalten bzw. Verändern dieses Gens alleine bzw. in Kombination mit anderen Genen?
- Wie funktioniert das dazugehörige Protein? Welche Struktur besitzt es? Womit interagiert es?
- Welche Funktionen haben die nichtcodierenden Regionen noch?

Der Forschung steht ein weites Feld offen, und wir können auf viele interessante Entdeckungen gespannt sein.

Dank: Dr. Reinhard JUNKER, Prof. Dr. Siegfried SCHERER und Martha LOEWE danke ich für die Durchsicht des Manuskripts und hilfreiche Verbesserungsvorschläge. Verena BÖHM danke ich für das Erfassen der Daten in Tab. 2 und Klaus NEUHAUS für Verbesserungsvorschläge bei den Abbildungen.

Anmerkungen

1 Daneben sollen bereits auch *Helicobacter pylori, Methanobacterium thermoautotrophicum* (Genomgröße: 1,7 Megabasen), *Mycoplasma pneumoniae* (0,8 Megabasen) und *Synchocystis* sp. (3,6 Megabasen) vollständig sequenziert worden sein, jedoch ohne daß die Ergebnisse bisher veröffentlicht wurden (GOFFEAU et al. 1996).

2 RNA-Gene werden hier gesondert gezählt.

3 Strukturen zur Regulation und Sequenzen zwischen den Genen sind darin bereits enthalten.

4 Sollten in *Mycoplasma* jedoch schon immer nur UAA oder UAG in allen wesentlichen Fällen als Stoppcodons gedient haben, so wäre die „Neubelegung" von UGA selbst aus mikroevolutiver Sicht möglicherweise kein Problem: einer Duplikation des vorhandenen tRNA-Trp Gens müßte mindestens eine Punktmutation in der erkennenden Region folgen. Alle anderen ca. 20 (beobachteten, s.u.) Punktmutationen wie auch alle tatsächlich benutzten UGA's (in den Proteinen) wären dann durch neutrale Evolution fixiert worden. Dies läßt sich momentan jedoch schlecht überprüfen. Zur Zeit ist außerdem kein Grund ersichtlich, weshalb im angenommenen, makroevolutiven Urahn aller Mycoplasmen UGA nicht als Stoppcodon benutzt worden sein soll, wenn dieser den Universalen Genetischen Code benutzt haben soll.
Die beiden tRNA-Trp-Gene von Mycoplasma genitalium (aus National Center for Biological Information Entrez, CD-Release 24.0, 1996) besitzen an 52 von 74 Positionen die gleichen Basenpaare, wenn man in tRNA-Trp2 das T an Position 54 deletiert. Dies entspricht 70% Sequenzhomologie. In *Mycoplasma pneumoniae* findet sich dagegen ein tRNA-Trp-Gen, welches sich mit tRNA-Trp1 aus *M. genitalium* um 67 bp überlappt (bei 1 Punktmutation).

5 Daß die Ribosomen evolvieren, während alle anderen bakterienähnlichen Proteine in ihrem ursprünglichen Zustand festgehalten werden, ist aufgrund der Gesetze der neutralen Evolution sehr unwahrscheinlich. Man müßte hierzu fordern, daß sich in der betreffenden Zeit dort praktisch keine (oder nur bestimmte) Mutationen ereignen.

6 Anders ausgedrückt: Wenn eine neue Eigenschaft zur Besiedlung einer bestimmten ökologischen Nische von zwei Genen codiert wird, dann kann diese neue Eigenschaft entweder fehlen, und der Organismus bleibt in der alten Nische, oder beide Gene sind vorhanden, und die neue Umwelt kann besiedelt werden. Fällt eines der Gene in der neuen Umwelt aus, dann kann dies tödliche Wirkungen haben.

Literatur

Internet-Adressen

Hefe: http://genome-www.stanford.edu/Saccharomyces/
M.g./H.i./M.j.: http://www.tigr.org/tdb/mdb/
E. coli: http://www.genetics.wisc.edu/
The Institute for Genomic Research: http://www.tigr.org/
National Center for Biological Information: http://www.ncbi.nlm.nih.gov/ (dort finden sich Genbank, Entrez, Genkarte zum menschlichen Genom etc.)
European Molecular Biology Lab: http://www.embl-heidelberg.de/

Interessante Schwerpunkt-Hefte

Menschliches Genom: Nature *377* Supplement: The Genome Directory 1995

Aktuelle Trends: Jährlicher „Genome Issue": Science (1996) *274*, S. 479ff.; Science *270*, S. 349ff. usw.

Genome und Evolution: Current Opinion in Genetics & Development (1996) Vol. *6*, Nr. 6, S. 683ff.

Weitere Literatur

ALBERTS B, BRAY D, LEWIS J, RAFF M, ROBERTS K & WATSON J (1994) Molecular Biology of the Cell, Third Edition. New York, Garland Publishing, Inc.

BIRD AP (1995) Gene number, noise reduction and biological complexity. Tr. Genet. *11*, 94-100.

BLATTNER F (1997) *E. Coli.* Im Internet: http://www.genetics. wisc.edu/

BULT CJ, WHITE O, OLSEN GJ, ZHOU L, FLEISCHMANN RD, SUTTON GG, BLAKE JA, FITZGERALD LM, CLAYTON RA, GOCAYNE JD, KERLAVAGE AR, DOUGHERTY BA, TOMB J-F, ADAMS MD, REICH CI, OVERBEEK R, KIRKNESS EF, WEINSTOCK KG, MERRICK JM, GLODECK A, SCOTT JL, GEOGHAGEN NSM, WEIDMAN JF, FUHRMANN JL, NGUYEN D, UTTERBACK TR, KELLEY JM, PETERSON JD, SADOW PW, HANNA MC, COTTON MD, ROBERTS KM, HURST MA, KAINE BP, BORODOVSKY M, KLENK H-P, FRASER CM, SMITH HO, WOESE CR & VENTER JC (1996) Complete Genome Sequence of the Methanogenic Archaeon, *Methanococcus jannaschii*. Science *273*, 1058-1073.

BÜRGER R & LYNCH M (1995) Evolution and Extinction in a Changing Environment: A Quantitative-Genetic Analysis. Evolution *49*, 151-163.

DE DUVE C (1994) Ursprung des Lebens: Präbiotische Evolution und die Entstehung der Zelle. Heidelberg, Spektrum Akademischer Verlag.

DOOLITTLE RF (1986) Proteine. Spektrum der Wissenschaft, Die Moleküle der Lebens, 42-52.

DYBVIG K & VOELKER LL (1996) Molecular Biology of Mycoplasmas. Ann. Rev. Microbiol. *50*, 25-57.

EIGEN M (1993) The origin of genetic information: viruses as models. Gene *135*, 37-47.

ESCARMIS C, DAVILA M, CHARPENTIER N, BRACHO A, MOYA A & DOMINGO E (1996) Genetic Lesions Associated with Muller's Ratchet in an RNA Virus. J. Mol. Biol. *264*, 255-267.

FLEISCHMANN RD, ADAMS MD, WHITE O, CLAYTON RA, KIRKNESS EF, KERLAVAGE AR, BULT CJ, TOMB J-F, DOUGHERTY BA, MERRICK JM, MCKENNEY K, SUTTON GG, FITZHUGH W, FIELDS C, GOCAYNE JD, SCOTT J, SHIRLEY R, LIU L-I, GLODECK A, KELLEY JM, WEIDMAN JF, PHILLIPS CA, SPRIGGS T, HEDBLOM E, COTTON MD, UTTERBACK TR, HANNA MC, NGUYEN DT, SAUDECK DM, BRANDON RC, FINE LD, FRITCHMAN JL, FUHRMANN JL, GEOGHAGEN NSM, GNEHM CL, MCDONALD LA, SMALL KC, FRASER CM, SMITH HO & VENTER JC (1995) Whole-Genome Random Sequencing and Assembly of *Haemophilus influenzae* Rd. Science *269*, 496-512.

FOX GE, MAGRUM LJ, BALCH WE, WOLFE RS & WOESE CR (1977) Classification of methanogenic bacteria by 16S ribosomal RNA characterization. Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. *74*, 4537-4541.

FRASER CM, GOCAYNE JD, WHITE O, ADAMS MD, CLAYTON RA, FLEISCHMANN RD, BULT CJ, KERLAVAGE AR, SUTTON G, KELLY JM, FRITCHMAN JL, WEIDMAN JF, SMALL KV, SANDUSKY M, FUHRMANN J, NGUYEN D, SAUDECK TRUDM, PHILLIPS CA, MERRICK HM, TOMP J-F, BOTT BADDF, HU P-C, LUCIER TS, PETERSON SN, SMITH HO, HUTCHINSON III CA & VENTER JC (1995) The Minimal Gene Complement of Mycoplasma genitalium. Science *270*, 397-403.

GOFFEAU A (1995) Life With 482 Genes. Science 270, 445-446.

GOFFEAU A, BARRELL BG, BUSSEY H, DAVIS RW, DUJON B, FELDMANN H, GALIBERT F, HOHEISEL JD, JACQ C, JOHNSTON M, LOUIS EJ, MEWES HW, MURAKAMI Y, PHILIPPSEN P, TETTELIN H & OLIVER SG (1996) Life with 6000 Genes. Science *274*, 546-567.

HURST LD & HURST GDD (1996) Evolutionary Genetics: Genomic revolutionaries rise up. Nature *384*, 317-318.

JOYCE GF (1989) RNA evolution and the origins of life. Nature *338*, 217-224.

KIMURA M (1985) Die „neutrale" Theorie der molekularen Evolution. In: Evolution. Heidelberg, Spektrum der Wissenschaft, 100-108.

KIMURA M (1987) Die Neutralitätstheorie der molekularen Evolution. Berlin, Verlag Paul Parey.

LANDER ES (1996) The New Genomics: Global Views of Biology. Science *274*, 536-539.

LEWIN B (1994) Genes V. Oxford, Oxford University Press.

LYNCH M, CONERY J & BÜRGER R (1995) Mutational Meltdowns in Sexual Populations. Evolution *49*, 1067-1080.

MANILOFF J (1996) The minimal cell genome: „On being the right size". Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. *93*, 10004-10006.

MAYNARD SMITH J (1978) The Evolution of Sex. Cambridge, Cambridge University Press.

MIKLOS GLG & RUBIN GM (1996) The Role of the Genome Project in Determining Gene Function: Insights from Model Organisms. Cell *86*, 521-529.

MORELL V (1996) Life's Last Domain. Science *273*, 1043-1045.

MUSHEGIAN AR & KOONIN EV (1996) A minimal gene set for cellular life derived by comparison of complete bacterial genomes. Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. *93*, 10268-10273.

ORENGO CA, JONES DT & THORNTON JM (1994) Protein superfamilies and domain superfolds. Nature *372*, 631-634.

PENNISI E (1996) Genome Meeting: Seeking Life's Bare (Genetic) Necessities. Science *272*, 1098-1099.

SCHERER S (1996) Entstehung der Photosynthese – Grenzen molekularer Evolution bei Bakterien? Neuhausen-Stuttgart, Hänssler.

SHAPIRO R (1987) Schöpfung und Zufall. München, C. Bertelsmann Verlag.

SHAPIRO R (1988) Prebiotic Ribose Synthesis: A Critical Analysis. Origins of Life and Evolution of the Biosphere *18*, 71-85.

STRYER L (1990) Biochemie. Heidelberg, Spektrum der Wissenschaft.

SZATHMARY E & MAYNARD SMITH J (1995) The major evolutionary transitions. Nature *374*, 227-232.

TORTORA GJ, FUNKE BR & CASE CL (1992) Microbiology: An Introduction. 4th Edition. Redwood City, The Benjamin/Cummings Publishing Company.

VOLLMERT B (1985) Das Molekül und das Leben – Vom makromolekularen Ursprung des Lebens und der Arten: Was Darwin nicht wissen konnte und Darwinisten nicht wissen wollen. Reinbek bei Hamburg, Rowohlt Verlag.

WOESE CR, KANDLER O & WHEELIS ML (1990) Towards a natural system of organisms: Proposal for the domains Archaea, Bacteria, and Eucarya. Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. *87*, 4576-4579.

Wie lange bleiben DNA-Moleküle erhalten? Zur chemischen Stabilität fossiler DNA

Harald Binder, Taborweg 8, 78467 Konstanz

Zusammenfassung: **Molekularbiologische Techniken ermöglichen Untersuchungen kleinster Mengen von DNA. In jüngster Zeit werden mit diesen Methoden auch DNA-Fragmente aus Fossilien analysiert. In diesem Artikel werden Untersuchungen an Pflanzenfossilien aus der Fossillagerstätte Clarkia, Idaho, USA vorgestellt. Das diesen aus dem Miozän stammenden Fossilien zugeordnete Alter (17-20 Millionen Jahre) steht im Widerspruch zu bisherigen Erkenntnissen über die Langzeitstabilität von DNA. Danach geht man davon aus, daß Nukleinsäuren in einem Zeitraum von 10.000 bis maximal 100.000 Jahren zerfallen. Diese widersprüchlichen Ergebnisse machen weitere grundlegende Untersuchungen nötig und motivieren zu kritischer Reflexion über bisher akzeptierte Erklärungen.**

Einleitung

Mit dem Eintritt des Todes beginnen Lebewesen bzw. deren materielle Bestandteile, die organischen Moleküle, zu zerfallen. Diese Tendenz zum Zerfall ist auch im lebenden Organismus zu beobachten, jedoch werden hier mit dem Stoffwechsel, durch Synthese, Reparatur etc. empfindliche Gleichgewichtszustände gewährleistet. Diese biochemischen Gleichgewichte werden nach dem Tod nicht mehr aufrechterhalten. Typischerweise wird ein Kadaver unter Beteiligung von Mikroorganismen, Pilzen u.a. vollständig remineralisiert und damit die materiellen Komponenten der Lebewesen wieder dem Stoffkreislauf zugeführt.

In seltenen Fällen, z.B. in gestörten instabilen Ökosystemen wird diese Zerfallstendenz verlangsamt oder sogar eingefroren (z.B. Mammuts im sibirischen Eis, Gletscherleichen), oder die Gestalt des Körpers wird durch noch nicht verstandene Mechanismen mit anorganischen Mineralien abgebildet (z.T. unter Erhaltung zellulärer Strukturen) und kann als Versteinerung erhalten bleiben. Für die Paläontologie sind solche Fossilien (fossil: lat. „ausgegraben") ergiebige Informationsquellen. Bisher konnten an solchen Fossilien vor allem strukturelle Merkmale verschiedenster auch unbekannter, schon ausgestorbener Lebewesen untersucht werden.

Die organischen Bestandteile sind bei Fossilien jedoch nicht immer vollständig durch anorganische Mineralien ersetzt. Abhängig von Bedingungen bei Entstehung und Lagerung der Fossilien können die organischen Komponenten noch weitgehend erhalten sein (bei Eis- oder Gletscherleichen und Bernsteininklusen) oder in mehr oder weniger stark chemisch veränderter Form vorliegen (Moorleichen, Mumien, inkohlte Pflanzenreste).

Die Entwicklung hochempfindlicher analytischer Methoden ermöglicht Untersuchungen kleinster Stoffmengen. So können paläontologische Fragestellungen mit Hilfe der chemischen Analyse organischer Überreste an Fossilien bearbeitet werden.

Die makromolekularen Nukleinsäuren (DNA, RNA) mit ihren faszinierenden strukturellen Eigenschaften stellen in diesem Zusammenhang eine besonders interessante Klasse organischer Moleküle dar. Sie enthalten in allen bekannten Lebewesen die für den jeweiligen Organismus spezifische Erbinformation. Unter Anwendung molekularbiologischer Techniken werden heute in vielen Labors (z.T. weitgehend automatisiert) bestimmte Ausschnitte der genetischen Information, d.h. bestimmte Abschitte auf der fadenförmigen Nukleinsäure von rezenten (heute lebenden) Organismen analysiert.

Mitte der achtziger Jahre gelang es erstmals, Ausschnitte der genetischen Information von Organismen zu untersuchen, die schon lange Zeit vor der Analyse tot und entsprechend präpariert worden waren. Die Nukleinsäureabschnitte aus Geweberesten eines 140 Jahre zuvor erlegten Quaggas (ein ausgestorbener Pferdeverwandter; Higuchi et al. 1984) und von ägyptischen Mumien (Pääbo 1985) konnten untersucht werden, nachdem Fragmente

Fragestellungen aus der Paläontologie können jetzt mit molekularbiologischen Techniken bearbeitet werden.

der jeweiligen Nukleinsäuren in Bakterien transferiert und vermehrt worden waren. Erwiesen sich die in diesen Arbeiten angewendeten Techniken noch als aufwendig und ineffektiv, so erlaubt die inzwischen entwickelte Polymerase-Kettenreaktion (PCR) (Mullis 1990, Nobelpreis 1993) die Vermehrung von DNA-Fragmenten im Reagenzglas innerhalb von Stunden.

Durch diese Pionierarbeiten wurden Fragestellungen aus der Paläontologie der Bearbeitung mit molekularbiologischen Techniken zugänglich. Es war damit also die Möglichkeit eröffnet worden, chemische Untersuchungen an Nukleinsäurefrag-

Stud. Int. J. 4 (1997), 14 – 21

menten aus organischen Geweberesten von Fossilien vorzunehmen. In internationalen Veröffentlichungen wird häufig die Bezeichnung „ancient DNA" (ancient = alt, antik, uralt) benützt, seltener „fossil DNA". Hier soll der zweite Begriff gewählt werden, da er den Sachverhalt treffend und weniger suggestiv beschreibt.

DNA-Sequenz aus einem Magnolienblatt aus dem Miozän

GOLENBERG et al. (1990) untersuchten ein fossiles Blatt aus der Fossillagerstätte Clarkia, Idaho, USA (s. Kasten), welches aufgrund morphologischer Merkmale als der fossilen Spezies *Magnolia latahensis* zugehörig klassifiziert wurde. Diese Art findet sich häufig in anderen miozänen Florengemeinschaften des Columbia Plateaus. Das Blatt wurde in seiner Matrix nach Aufbrechen des schiefrigen Materials fotografisch dokumentiert und identifiziert. Es wurde ausgekratzt und mechanisch zu einem feinen Pulver zermahlen. Aus diesem Pulver wurde nun die DNA extrahiert und durch entsprechende Auswahl der Primer (kurze einsträngige DNA Stücke, die für die PCR notwendig sind) ein DNA-Abschnitt aus den Chloroplasten mittels PCR vervielfältigt. Dieses Fragment des isolierten Chloroplastengens kodiert für die große Untereinheit des Enzyms Ribulose-1,5-bisphosphat-Carboxylase (rbcL). Dieses Enzym katalysiert in der Photosynthesereaktion (Calvin-Cyclus) die Fixierung von CO_2; es findet sich also nur in photosynthetisierenden Organismen. Das isolierte und durch Polymerase-Kettenreaktion (PCR) vervielfältigte Fragment wies eine Länge von 770 Basenpaaren (bp) auf. (Die Gesamtlänge des rbcL-Gens aus *Magnolia macrophylla* beträgt 1428 bp.) Vergleichende (phylogenetische) Untersuchungen der gefundenen Sequenz mit bereits bekannten rbcL-Sequenzen anderer Organismen stützen die Vermutung, daß die fossile DNA aus dem Magnolienblatt stammt: Ein Vergleich der rbcL-Sequenzen der fossilen Magnolienart mit einer rezenten (*Magnolia macrophylla*) zeigt deutliche Abweichungen.

Reaktionen und deren Diskussion

Das dem untersuchten Blatt zugeordnete Alter (Miozän: 17-20 Millionen Jahre) erregte Aufsehen, weil die bis dahin älteste veröffentlichte DNA-Sequenz aus Geweberückständen am Fell eines auf ca. 13.000 Jahre datierten chilenischen Riesenfaultiers (*Mylodon*) bekannt war (PÄÄBO 1989). In der Arbeit von GOLENBERG et al. wird der Anspruch erhoben, fossile DNA erfolgreich vervielfältigt und sequenziert zu haben, die etwa um den Faktor 1000 älter ist.
Als Reaktion auf die Veröffentlichung von GOLENBERG et al. (1990) wurden kritische, zur Vorsicht mahnende Arbeiten publiziert. So untersuchten SIDOW et al. (1991) fossiles Pflanzenmaterial aus Clarkia und konnten dabei ebenfalls „hochmolekulare" DNA isolieren. Sie konnten allerdings keine fossile DNA pflanzlichen Ursprungs erhalten. Vielmehr erhielten sie bei ihren Experimenten DNA-Fragmente, die als bakterielle Nukleinsäuren identifiziert wurden. Die Autoren vermuten, daß es sich dabei um DNA rezenter Bakterien handelt.

Zuvor bereits hatten dieselben Autoren (PÄÄBO & WILSON 1991) aufgrund experimenteller Labordaten (LINDAHL & NYBERG 1972 und LINDAHL & ANDERSSON 1972) eine Abschätzung der Überlebensdauer von DNA-Fragmenten vorgenommen und publiziert. Diese Abschätzung ergab, daß von 10^{12} Kopien (die angenommene Zahl von Kopien des Chloroplastengenoms in 1 g Blattgewebe) eines DNA Moleküls mit einer Länge von 800 bp in wässrigem Milieu, bei pH 7 und 15 °C, nach ca. 5000 Jahren kein komplettes DNA-Molekül mehr vorhanden sein dürfte. Sie sind alle durch Depurinierung und nachfolgenden Strangbruch zerstört worden.

In einer Erwiderung auf diese Kritik betont GOLENBERG (1991) vor allem die Priorität experimenteller Daten gegenüber theoretischen Erwä-

Die miozäne Fossillagerstätte bei Clarkia

In diesem Beitrag werden Arbeiten über fossile DNA, welche an Fossilien aus der Fossillagerstätte Clarkia, Idaho, USA vorgenommen wurden, präsentiert und diskutiert.

Die Fossillagerstätte bei Clarkia ist eine bekannte, gut untersuchte Fundstelle von Fossilien verschiedenster Organismen aus dem Miozän (SMILEY 1985, GOLENBERG 1991). Die Organismen stammen aus limnischen (z.B. Fische) wie aus terrestrischen (z.B. Pflanzen) Biotopen. Die Entstehung der Fossillagerstätte wird als Talfüllung entlang des heutigen Entwässerungssystems des St. Maries River interpretiert. Das Tal soll damals durch Lavaflüsse abgeriegelt und das Wasser zu einem großflächigen See – dem miozänen Clarkia Lake – gestaut worden sein. Von diesem miozänen See zeugen heute verschiedene Aufschlüsse mit den oben genannten Fossillagerstätten. Die am besten untersuchte Fundstelle (sie wird mit P-33 bezeichnet) ist gekennzeichnet durch ein 9 Meter mächtiges lakustrines Schichtpaket aus weichem, nicht oxidiertem, fein laminiertem Ton, in welchen gelegentlich Schichten von vulkanischem Aschestaub zwischengeschaltet sind. Aufgrund paläontologischer und sedimentologischer Untersuchungen geht man davon aus, daß die klimatischen Bedingungen dieser Region im Miozän warm und feucht waren. Dementsprechend repräsentiert die fossil überlieferte Pflanzenwelt dieser Gegend, die im Gegensatz zur heutigen vorwiegend aus Nadelwäldern besteht, ein warmes, feuchtes Waldökosystem. Das Sediment und die Fossilien haben sich vermutlich am sauerstoffarmen Seeboden angesammelt und blieben dort bis heute in nichtoxidiertem und wassergesättigtem Zustand.

Die pflanzlichen Megafossilien bestehen hauptsächlich aus Blättern, daneben sind jedoch auch Blüten und andere Pflanzenteile zu finden. Die Blattfossilien liegen in plattgepreßter Form vor, wobei das zelluläre Gewebe intakt ist und oft die zellulären Ultrastrukturen, einschließlich Zellwänden und Organellen auffällig gut erhalten sind. Auch Untersuchungen organischer Substanzen in den Blattfossilen deuten darauf hin, daß diagenetische Veränderungen nur in sehr begrenztem Umfang stattgefunden haben.

Allgemeine Betrachtungen zur chemischen Stabilität von Nukleinsäuren

Nukleinsäuren bestehen aus den Kohlenhydraten Ribose im Falle der RNA bzw. 2-Desoxyribose bei DNA. Diese Kohlenhydrate sind über ihre 3- bzw. 5-OH-Funktion mittels einer Phosphorsäurediesterbrücke verknüpft und stellen das sogenannte Rückgrat des Nukleinsäurepolymers dar. Über die 1-OH Funktion ist jedes Kohlenhydrat über eine N-glycosidische Bindung mit einem N-Heterocyclus verknüpft. Die in Nukleinsäuren vorkommenden N-Heterocyclen lassen sich in die monocyclischen Pyrimidine Cytosin, Thymin und Uracil, welches in RNA Thymin ersetzt, und die beiden bicyclischen Purine Adenin und Guanin, unterteilen. (Daneben treten in Nukleinsäuren, anzahlmäßig von untergeordneter Bedeutung, noch Nukleotide mit modifizierten N-Basen auf.) Die so aufgebauten Markomoleküle DNA bzw. RNA weisen verschiedene Typen chemischer Bindungen auf, die sich hinsichtlich ihrer Stabilität unter entsprechenden Bedingungen unterscheiden.

So erweist sich die Phosphorsäurediesterbindung, bedingt durch die Anwesenheit der 2-OH Gruppe in der Ribose, verglichen mit DNA als viel empfindlicher gegen ***Hydrolyse.*** Diese Empfindlichkeit wird bei Anwesenheit 2-wertiger Kationen wie Ca^{2+} , Mg^{2+} oder Zn^{2+} noch verstärkt. D.h., in der DNA finden wir in den meisten Organismen ein hinsichtlich eines Kettenbruchs durch Hydrolyse chemisch stabileres Molekül zur Speicherung genetischer Information, als dies mit RNA gewährleistet wäre. Dagegen sind durch Wegfall der 2-OH Gruppe (welche sich für die Phosphorsäurediesterbrücke der DNA bezüglich deren hydrolytischer Spaltung stabilisierend auswirkt) die N-glycosidischen Bindungen in der DNA zwischen Kohlenhydraten und N-Heterocyclen sehr empfindlich gegen Hydrolyse.

Lindahl & Nyberg (1972) und Lindahl & Andersson (1972) haben experimentelle Untersuchungen zur Freisetzung von N-Basen unter physiologischen Bedingungen angestellt. Die Purine Guanin und Adenin werden mit vergleichbaren Geschwindigkeiten freigesetzt, wobei Guanin etwas empfindlicher ist. Die Geschwindigkeit für die Hydrolyse der Pyrimidine Cytosin und Thymin beträgt dagegen nur 5% verglichen mit den Purinen. Die Reaktion verläuft unter physiologischen Bedingungen säurekatalysiert. Die Ausbildung von doppelsträngiger DNA mittels komplementärer Basenpaarung (H-Brücken) verringert die Geschwindigkeit der Depurinierung nur um den Faktor 4 und stellt somit keinen effektiven Schutz gegen den Verlust von N-Basen dar. Die Abschirmung der Ladung an der Phosphorsäurediesterbrücke durch Mg^{2+}-Ionen hat keinen meßbaren Einfluß auf die Freisetzung der N-Heterocyclen.

Ein Verlust von N-Heterocyclen (v.a. Purinen) hat eine Destabilisierung des Rückgrates aus über Phosphorsäurediester verbrückte 2-Desoxyribosen an der betreffenden Stelle zur Folge, was in einem Strangbruch zum Ausdruck kommt. Dieser Strangbruch erfolgt durch ß-Eliminierung nach Hydrolyse der N-glycosidischen Bindung aufgrund der Öffnung des Desoxyribofuranoserings nach Freisetzung der 1-OH Funktion. Solche Vorgänge spielen sich auch in menschlichen Zellen ab. Lindahl & Nyberg (1972) rechnen pro Tag und menschlicher Zelle mit 2.000 - 10.000 Purinabspaltungen im menschlichen Genom, wobei in den lebenden Zellen solche Schäden durch ein effizientes Reparatursystem behoben werden.

Ein weiterer Aspekt chemischer Veränderung an der DNA stellt die ***Desaminierung*** der N-Base Cytosin dar. Bei 37 °C und pH 7,4 beträgt die Halbwertszeit für die hydrolytische Abspaltung der NH_2-Funktion eines Cytosins in einsträngiger DNA ca. 200 Jahre. Im Gegensatz zur Depurinierung stellt die Ausbildung von DNA-Doppelsträngen für diese Reaktion einen effektiven Schutz dar, so daß die Reaktionsgeschwindigkeit auf 0,5-0,7% sinkt, was die Halbwertszeit auf ca. 30.000 Jahre verlängert (Frederico et al. 1990). Für den Reaktionsmechanismus für die Desaminierung bei neutralen pH-Werten kommen sowohl alkalisch katalysierte Desaminierung als auch ein säurekatalysierter Ablauf in Frage, wobei ein H_2O-Molekül die protonierte NH_2-Funktion angreift. Im Säugetiergenom sind etwa 3% des Cytosins der DNA zum 5-Methylcytosin methyliert. Dieses 5-Methylcytosin wird etwa um den Faktor 3-4 mal schneller desaminiert als Cytosin selbst. Auch an den Purinbasen Adenin und Guanin kann eine Desaminierung erfolgen. Allerdings ist hier die Rate nur 2-3% derjenigen von Cytosin (Karran & Lindahl 1980).

Diese chemischen Änderungen an den N-Basen in der DNA beeinträchtigen die komplementäre Basenpaarung in der DNA-Doppelhelix und machen deshalb für lebende Zellen zur Stabilisierung ihrer genetischen Information ein aufwendiges und effizientes Reparatursystem notwendig.

Eine weitere Quelle chemischer Veränderungen an der DNA stellen ***oxidative Prozesse*** dar. Darunter fällt z.B. die Umwandlung von Guanin in 8-Hydroxyguanin durch OH-Radikale. Diese Modifikation hat eine veränderte Spezifität bei der komplementären Basenpaarung zur Folge. Eine zweite Erscheinung oxidativer Reaktionen ist die Bildung gesättigter Derivate der Pyrimidine (die 5,6-Doppelbindung verschwindet), wobei die Planarität der

gungen und Abschätzungen. Den Einwand der hohen Depurinierungs- und daraus resultierenden Strangbruchraten versucht der Autor mit dem Hinweis abzuschwächen, daß sie unter den Bedingungen der Clarkia-Sedimente, verglichen mit den Labordaten, sehr viel geringer gewesen sein könnten. Es sei vorstellbar, daß Austrocknung, Freisetzung von pflanzlichen phenolischen Verbindungen, sowie eine erneute Befeuchtung mit tanninreichem Wasser besonders gut konservierende Bedingungen schaffe. Weiterhin führt Golenberg die erfolgreiche Reproduktion seiner früheren Ergebnisse wie auch die fehlenden Hinweise auf epiphytisches Bakterienwachstum bei elektronenmikroskopischen Untersuchungen bei der Zurückweisung der Kritik an. Schließlich erwähnt er auch noch vorläufige, d.h. noch unveröffentlichte positive Resultate von Kollegen aus Untersuchungen an *Taxodium*- und *Quercus*-Arten, sowie eigene Untersuchungen an *Cocculus* aus dem Miozän.

Soltis et al. konnten 1992 ein rbcL-Fragment aus einer fossilen *Taxodium*-Art einer Länge von 1320 bp erfolgreich isolieren und vervielfältigen. Damit konnte der größte Teil des insgesamt 1431 bp langen rbcL-Gens einer fossilen Pflanze ebenfalls aus der Fundstelle Clarkia nachgewiesen und damit der Nachweis fossiler DNA aus dem Miozän reproduziert werden. In ihrer Publikation deuten Soltis et al. an, daß sie auch doppelsträngige DNA vergleichbarer Größe aus fossilen *Platanus*- und *Pseudofagus*-Resten aus der Clarkia-Fundstelle erfolgreich vervielfältigt hätten. Versuche mit rbcL von *Metasequoia, Hydrangea* und *Linderia* seien in ihren Labors bisher fehlgeschlagen.[1]

ursprünglichen heteroaromatischen Ringsysteme verloren geht und damit auch die Fähigkeit zur Bindung komplementärer N-Basen über H-Brücken. Beide oxidative Prozesse sind bisher nicht experimentell in vivo quantifiziert worden. Eine weitere durch Sauerstoffradikale induzierte Schädigung der DNA stellt die Störung der helikalen Struktur der DNA-Doppelhelix durch Ausbildung kovalenter Bindungen zwischen Purinen und dem Kohlenhydrat-Phosphat-Rückgrat, sowie zwischen zwei Purinbasen innerhalb desselben Stranges dar.

Da in den Zellkernen eukaryotischer Zellen keine experimentell nachweisbare O_2-Konzentration vorliegt, ist diese Gefährdung der genetischen Information als verhältnismäßig gering einzuschätzen. Anders sieht die Situation allerdings bei mitochondrialer DNA aus.

OH-Radikale, die in Folge von Einwirkung ***ionisierender Strahlung*** auf Wasser entstehen, rufen vielfältige Reaktionen in biogenen Makromolekülen, besonders auch in DNA, hervor. In Untersuchungen wurde festgestellt, daß die Strahlenempfindlichkeit einer Zellart weitgehend ihrem DNA-Gehalt proportional ist. SCHULTE-FROHLINDE (1990) zählt in einem zusammenfassenden Artikel folgende Klassen von Strahlenschäden auf: Einzel- und Doppelstrangbrüche, Basenschäden, Verluste von Basen, Nukleosiden und Nukleotiden, Adduktbildung, Vernetzung zwischen DNA-Strängen untereinander, als auch zwischen DNA-Strängen und Proteinen und Änderungen der DNA-Struktur. Schädigungen der DNA treten auch bei niedrigen Strahlendosen auf (HAGEN 1987). Der Einfluß radioaktiver Strahlung als Schadensquelle für fossile DNA läßt sich nur sehr schwer abschätzen, da keine Daten über die Strahlenverteilung und -intensität vor Ort und über die Zeit vorliegen. Angesichts des zur Diskussion stehenden Alters der Fossilien von Clarkia und der damit verbundenen Expositionszeit des fossilen Gewebes wird allerdings deutlich, daß es sich bei den Schädigungen der DNA durch ionisierende Strahlungen um einen in der bisherigen Diskussion stark vernachlässigten Faktor handelt. GOODHEAD (1994) hat eine Auswahl über die Schädigungen in Zellkernen von Säugerzellen durch eine niedrige LET Strahlung von 1Gy zusammengestellt (s. Tab. 1).

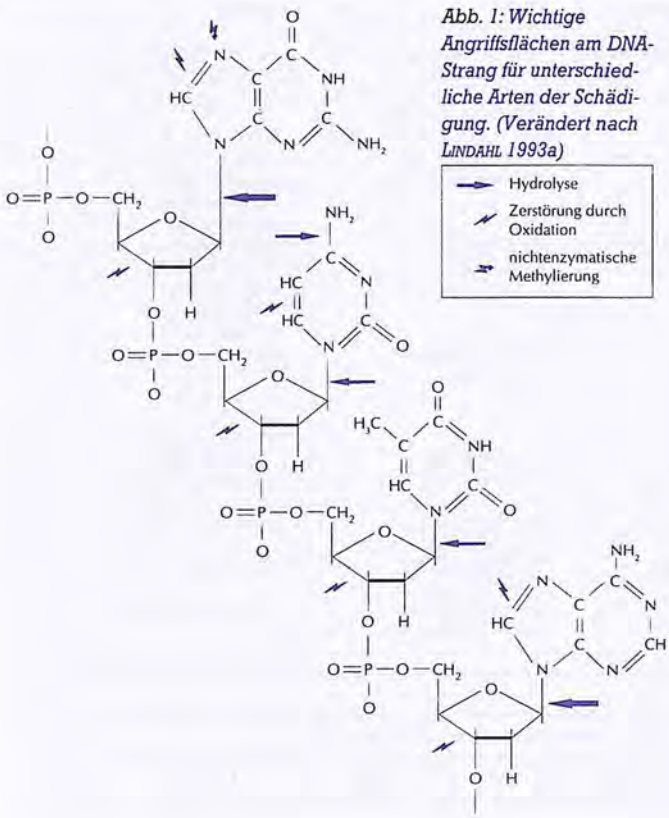


Abb. 1: Wichtige Angriffsflächen am DNA-Strang für unterschiedliche Arten der Schädigung. (Verändert nach LINDAHL 1993a)

Tab. 1: Einige Schäden an den Zellkernen von Säugerzellen durch 1 Gy low-LET Strahlung. Gy: Einheit der Energiedosis: 1Gray = 1 Gy = 1J/kg; LET: „linear energy transfer". (In Auswahl nach GOODHEAD 1994)

Physikalische Schäden	
Ionisierungen im Zellkern	ca. 100.000
Ionisierungen direkt in der DNA	ca. 2.000
Anregungen direkt in der DNA	ca. 2.000
Auswahl von biochemischen Schäden	
DNA-Einzelstrangbrüche	1.000
DNA-Doppelstrangbrüche	40
DNA-Protein-Quervernetzung	150

In Tab. 2 sind die Untersuchungen zu fossiler DNA aus der Fossillagerstätte bei Clarkia im Überblick dargestellt.

GOLENBERG (1991) führt zur Begründung seiner Wahl für die Untersuchung des rbcL-Gens folgende Argumente an, welche offensichtlich auch für weitere Untersuchungen genutzt wurden (POINAR et al. 1993): eine große Zahl von Kopien des Chloroplastengenoms im Blattgewebe („tausende pro Blatt"), nach mikroskopischen Untersuchungen guter Erhaltungszustand der Chloroplasten, nach GOLENBERGS Ansicht eine gute Eignung dieser Gene für phylogenetische Vergleiche und schließlich die Tatsache, daß diese Gene in Hefe und den meisten Bakterien nicht auftreten und damit die Möglichkeit von Kontaminationen reduziert sind. Doch auch angesichts dieser Argumente sind die Anfragen aufgrund der chemischen Stabilitätsbetrachtungen des Makromoleküls DNA nicht soweit ausgeräumt, daß die mit diesen Untersuchungen erzielten Resultate allgemeine Anerkennung gefunden hätten.

Erhaltung biochemischer Moleküle in Fossilien

Die bisher angeführten und diskutierten Arbeiten zeigen, daß in mehrfacher Wiederholung DNA aus fossilen Pflanzenteilen von der Fundstelle Clarkias isoliert und mittels PCR vervielfältigt worden sind. Durch Sequenzierung und vergleichende Untersuchungen konnte in einigen Fällen die Vermutung,

Organismus	DNA	bp	Quelle
Magnolia latahensis[1]	Genfragment aus Chloroplasten: rbcL	820	Golenberg et al. 1990, Golenberg 1991
Taxodium	Genfragment aus Chloroplasten: rbcL	1320	Soltis et al. 1992
Bakterien	?	370	Sidow & A. et al. 1991
Quercus[2]	Genfragment aus Chloroplasten: rbcL	–	Wichman H.A., Hamilton M.
Cocculus[2]	–	–	Wichman H.A., Hamilton M.
Liriodendron[2]	Retrotransposon-Sequenzen	–	Cummings M., Voytas D, Rodermel S., Konieczny A., Ausubel F.
Platanus[2]	Retrotransposon-Sequenzen	–	Cummings M., Voytas D, Rodermel S., Konieczny A., Ausubel F.
Platanus[3]	entspricht rbcL	–	Soltis et al. 1992
Pseudofagus[3]	entspricht rbcL	–	Soltis et al. 1992
Metasequoia[4]	Genfragment aus Chloroplasten: rbcL	–	Soltis et al. 1992
Hydrangea[4]	Genfragment aus Chloroplasten: rbcL	–	Soltis et al. 1992
Lindera[4]	Genfragment aus Chloroplasten: rbcL	–	Soltis et al. 1992

[1] Die Ergebnisse wurden von derselben Arbeitsgruppe reproduziert (s. Golenberg 1991)
[2] Von erfolgreicher Amplifikation wurde berichtet, die Sequenz jedoch bisher noch nicht veröffentlicht; zitiert in Golenberg (1991)
[3] Von erfolgreicher Amplifikation wurde berichtet, jedoch ohne detaillierte Sequenzdaten; zitiert in Soltis et al. (1992)
[4] Versuche zur Amplifikation waren bisher nicht erfolgreich; zitiert in Soltis et al. (1992)

Tab. 2: Untersuchungen an fossiler DNA aus der Fossillagerstätte Clarkia, Idaho, USA (Miozän). bp = Basenpaare.

daß es sich um DNA aus den fossilen Pflanzenresten handelt, erhärtet werden. Was kann über die Konservierung von molekularen Strukturen aus Organismen unter den geologischen Rahmenbedingungen von Clarkia gesagt werden? Eglinton & Logan (1991) diskutieren die Erhaltung unterschiedlichster molekularer Strukturen aus toten Organismen unter verschiedenen Umweltbedingungen. Sie beziehen die Fossillagerstätte bei Clarkia in ihre Untersuchungen mit ein und bezeichnen die dort vorgefundenen Sedimente als unreif. D.h.: Diese Schichten wären seit ihrer Ablagerung keinem thermischen Streß ausgesetzt und während ihrer Geschichte höchstens mit wenigen 100 m Sediment überlagert gewesen. Eglinton & Logan haben zunächst Lipidkomponenten von Clarkia-Blätterfossilien untersucht und dabei Hinweise auf eine sehr gute Erhaltung gefunden. D.h. die Analysen lieferten bezüglich der Verteilung der Komponenten vergleichbare Resultate wie bei Wachszusammensetzungen rezenter Blätter. Dies wird von den Autoren als Indiz für exzellente Erhaltung, sehr geringen Bioabbau und Diagenese gewertet. Im weiteren Verlauf ihrer Untersuchungen konnten sie empfindlichere und hochselektive Analysenmethoden mit einbeziehen. So berichten Logan et al. (1993) über vergleichende Untersuchungen von gut erhaltenen fossilisierten Eichenblättern (*Quercus* sp.) aus der Lagerstätte Clarkia, von Eichenblättern (*Quercus robur*) aus 2 Jahre zurückliegendem Laubfall mit entsprechendem Bioabbau durch Mikroorganismen und von frischen Eichenblättern. Die beiden schon abgestorbenen Blattgewebe weisen bei massenspektroskopischen Analysen ein vergleichbares Muster an Signalen auf, die als Fragmente von Ligninbestandteilen von sehr gutem Erhaltungszustand interpretiert werden. Im frischen Blattgewebe dominieren dagegen deutlich Signale, die von cytosolischen Komponenten herrühren, wie Stärke, Proteine und Lipide. Im fossilen Eichenblatt fehlen auffälligerweise Signale, die eine Erhaltung von Polysacchariden anzeigen würden. Im 2 Jahre alten Blatt dominieren Signale von strukturellen Polysacchariden (Cellulose) das Spektrum. Diese Befunde werden durch andere Methoden bestätigt. Die C-16- und C-18-Fettsäuren des Cutins konnten beim 2 Jahre alten Blattmaterial als Indiz von intakten Cutinpolyestern im Gegensatz zu den miozänen Blattfossilien nachgewiesen werden. Obwohl die in dieser Untersuchung zur Anwendung gebrachten Analysenmethoden, verglichen mit PCR, um mehrere Größenordnungen unempfindlicher sind, zeigen sie jedoch deutlich, daß die Fossillagerstätte bei Clarkia aus dem Miozän keine generelle, also alle Typen von Makromolekülen aus Organismen in gleicher Weise betreffende, ausgezeichnete Erhaltung bietet. Die Autoren betonen in den Schlußfolgerungen ihrer Studie, daß trotz einer ausgezeichneten anatomischen Erhaltung der Fossilien von den meisten Biopolymeren keine nennenswerten Mengen nachgewiesen werden konnten, d.h. diese sind abgebaut worden.

Chemische Stabilität von DNA aus der Fossillagerstätte bei Clarkia

Was die Mechanismen zum Abbau von DNA betrifft (s. Kasten), so ist zu erwarten, daß Hydrolyse ebenso wie Desaminierung, DNA-Oxidation und mit Einschränkungen die nichtenzymatische Methylierung Prozesse darstellen, die auch nach Tod, Einbettung des Organismus in Sedimentschichten und Lagerung unter nicht extremen geologischen Bedingungen (v.a. Druck, Temperatur) weiterhin wirksam sind. Dadurch würden sich die Abbauprodukte im Laufe der Zeit anhäufen, mit dem Effekt, daß das Makromolekül DNA zunehmend in kleine Bruchstücke fragmentiert wird und schließlich vollständig abgebaut wäre. DeSalle & Grimaldi (1994) schätzen aufgrund der von Lindahl (1993) publizierten Daten für die Halbwertszeit der Depurinierung, daß ein Genom von der Größe des menschlichen in weniger als 30.000 Jahren zu einzelnen Basenpaaren abgebaut werden würde. Diese wären ihrerseits weiter abgebaut worden. T. Lindahl (1993a) selbst hält es für möglich, daß in Verbindung mit

vorteilhaften Konservierungsbedingungen – insbesondere auch niedrige Temperaturen – mit PCR vervielfältigbare DNA-Fragmente mit einem Alter von zehntausenden von Jahren gewonnen werden können. Über veröffentlichte Untersuchungsergebnisse an wesentlich älteren Proben äußert er sich sehr skeptisch.

Nun sind Daten über Abbauraten vergangener Zeiten mit naturwissenschaftlichen Methoden nicht direkt zugänglich. Werden also die postulierten hohen Alter für fossile DNA aufrecht erhalten, dann sind Argumente gefragt, die eine bessere Konservierung, d.h. wirksame Schutzmechanismen in Übereinstimmung mit unserem gegenwärtigen Erkenntnisstand wahrscheinlich machen.

Mögliche Konservierungseffekte

So haben Niklas et al. (1985; zitiert nach Golenberg, 1991) vermutet, daß die Blätter von Clarkia vor dem Laubfall einer natürlichen Dehydratisierung unterworfen waren und nach der Einbettung möglicherweise durch wässrige Lösungen rehydratisiert wurden, die konservierende Bestandteile wie Tannine oder phenolische Verbindungen pflanzlicher Herkunft enthalten haben. Dazu ist einschränkend anzumerken, daß DNA auch in getrocknetem Gewebe immer noch partiell hydratisiert vorliegt und damit weiterhin hydrolytischen Abbauprozessen ausgesetzt bleibt. Vollständig dehydratisierte DNA (nur unter extremen Bedingungen, wie z.B. über Phosphorpentoxid, P_2O_5 möglich) ist stark hygroskopisch und rehydratisiert bei Luftkontakt sehr rasch. Die Möglichkeit, daß die angeführten Verbindungen (Tannine und pflanzliche phenolische Verbindungen) vor hydrolytischen Prozessen schützen, muß experimentell erst noch gezeigt werden. Die von Logan et al. (1993) veröffentlichten Resultate bezüglich anderer biogener Makromoleküle scheinen dieser Prognose für die Lokalität bei Clarkia eher zu widersprechen.

Als weiteres Argument wird die Möglichkeit angeführt, daß Adsorption von DNA auf mineralischen Oberflächen konservierende Wirkung haben könnte. Doch ist die experimentelle Datenbasis für solche Aussagen nicht sehr umfangreich. Romanowski et al. (1991) haben im Zusammenhang mit Untersuchungen zu horizontalem Gentransfer festgestellt, daß Plasmid-DNA adsorbiert auf chemisch reinem Seesand, verglichen mit freier DNA in Lösung, 100 mal widerstandsfähiger gegen Abbau durch DNase I ist. Robins & Lindahl (zitiert in Lindahl 1993) geben für auf Hydroxyapatit adsorbierte DNA eine im Vergleich zur reinen wässrigen Lösung halbierte Depurinierungsrate an. Dabei ist allerdings zu bedenken, daß die fossile DNA aus der Fundstelle bei Clarkia nicht frei vorliegt, sondern in gut erhaltenen zellulären Substrukturen eingebettet ist, d.h. sie kann gar nicht in gleicher Weise wie freie DNA an mineralische Oberflächen adsorbiert und auf diese Weise geschützt werden.

Wie schon eingangs angesprochen erfolgte die Identifizierung der fossilen DNA aufgrund vergleichender Untersuchungen der Primärstruktur, auch als „phylogenetische Tests" bezeichnet. Dazu äußern sich DeSalle & Grimaldi (1994): „Lindahl's critique includes a discussion of the 'knowability' of the origin of DNA from PCR experiments using ancient tissue sources. This critique is impossible to discuss or refute without the acceptance of the phylogenetic method as the final test of the relationship of the DNA from the specimen with that of living species. The determination of the fossil DNA sequence as a close relative to living forms is really the only way that such verification can proceed. Many aspects of phylogenetic analysis have to be discussed, however, in order for such criteria to be valid."

Fehlerquelle: Amplifikation

Ein weiteres bekanntes Problemfeld stellt die Vervielfältigung fossiler DNA mittels PCR dar. Die einfach zu handhabende Technik und die enorm hohe Empfindlichkeit dieser Methode (theoretisch würde eine Kopie eines DNA Fragments für eine Vervielfältigung mit PCR ausreichen) zählen zweifellos zu ihren Vorzügen. Diese Vorzüge verführen zum einen dazu, diese Technik in vielen Labors einzusetzen, in denen das nötige molekularbiologische Hintergrundswissen nicht verfügbar ist und dadurch fehlerhafte Ergebnisse provoziert werden. Die enorme Empfindlichkeit der PCR-Technik macht sie zum anderen anfällig für falsche Resultate durch Infektionen der Proben mit Spuren fremder DNA. So könnte gerade bei Untersuchungen fossiler DNA eine Kontamination der Probe (bei Probennahme, Transport oder Aufbereitung) zu vermeintlichen Ergebnissen führen, die jedoch nicht auf die Probe selbst, sondern auf die Verunreinigung (z.B. durch Bakterien-DNA oder andere DNA-Proben, welche im Labor bearbeitet werden) zurückgehen. In der Literatur werden diese Fehlerquellen benannt und diskutiert. Lindahl (1993) schlägt zur besseren Absicherung der Ergebnisse vor, auch die fehlgeschlagenen Versuche, fossile DNA zu untersuchen, zu dokumentieren, damit zufällige positive Ergebnisse leichter zu erkennen sind. Des weiteren fordert er, daß auch solche Untersuchungen reproduziert werden müssen, daß eine größere Zahl von Blindproben durchgeführt werden sollen und daß auch die chemische Analytik anderer Moleküle in den Fossilien zu Vergleichszwecken verstärkt herangezogen werden sollte (vgl. auch Lindahl 1993b; Handt et al. 1994).

Poinar et al. (1996) haben die Razemisierungsgeschwindigkeit der Aminosäure Asparaginsäure als Prüfkriterium eingeführt, um die Wahrschein-

lichkeit besser abschätzen zu können, ob in alten Gewebeproben noch endogene DNA vorhanden ist. Diese Überlegungen basieren auf folgenden Zusammenhängen: die proteinogenen Aminosäuren kommen (mit Ausnahme von Glycin) in zwei voneinander unterscheidbaren spiegelbildlichen Formen (D- und L-Enantiomere) vor. Für die Proteinbiosynthese werden aber jeweils ausschließlich die L-Enantiomeren eingesetzt. Werden Aminosäuren vom Stoffwechsel abgeschnitten, so gehen die L-Aminosäuren durch chemische Reaktionen in ein Gemisch aus D- und L-Aminosäuren über (Razemisierung). BADA et al. (1994) haben gezeigt, daß die Razemisierungsreaktion von denselben Faktoren beeinflußt wird, die auch für den hydrolytischen Abbau der DNA verantwortlich sind (Gegenwart von Wasser, pH-Wert, Temperatur, Komplexierung von bestimmten Metallionen). Außerdem haben diese Untersuchungen ergeben, daß die Razemisierung von Asparaginsäure bei neutralem ph-Wert über einen weiten Temperaturbereich eine mit der Depurinierung von DNA vergleichbare Aktivierungsenergie und Geschwindigkeitskonstante aufweist. In Untersuchungen konnte gezeigt werden, daß bei einem D/L Verhältnis von Asparagin von 0,08 keine DNA mehr nachgewiesen werden konnte. Bei Proben mit einem Verhältnis D/L-Asparaginsäure um 0,05 (dieser Wert wird im Laborexperiment bei einer Behandlung mit 6 N Salzsäure erreicht) konnten DNA Fragmente mit 140 bis 340 bp mittels PCR vervielfältigt und nachgewiesen werden. In allen von POINAR et al. (1996) untersuchten Proben aus Clarkia konnte keine Asparaginsäure nachgewiesen werden, und die D/L Verhältnisse bei anderen Aminosäuren zeigten umfangreiche Razemisierung an. Nach Ansicht der Autoren spricht dieses Resultat dafür, daß es sich bei den bisher publizierten Ergebnissen über Untersuchungen fossiler DNA um Artefakte aufgrund von Kontaminationen der Proben mit moderner DNA handelt.

Ein Vergleich der beiden veröffentlichten rbcL-Sequenzen von *Magnolia latahensis* (GOLENBERG et al. 1991) und einem fossilen *Taxodium* (SOLTIS et al. 1992)[2] mit der DNA-Sequenz von jeweils rezenten Vertretern zeigt folgende Sequenzunterschiede:

Magnolia latahensis – Magnolia macrophylla: (ein rbcL Fragment von 820 bp einer Gesamtsequenz von 1431 bp wurde untersucht) 17 Substitutionen, davon 4 nicht- synonyme 1. und 2. Substitutionen (diese verursachen einen Austausch der entsprechenden Aminosäure im Genprodukt, bei 12 Veränderungen (Transitions) erfolgt im Genprodukt keine Veränderung in den Aminosäuren.

fossiles *Taxodium – Taxodium distichum:* (ein rbcL Fragment von 1380 bp einer Gesamtsequenz von 1431 bp wurde untersucht) 11 Substitutionen. Alle 11 Veränderungen (Transitions) sind ohne verändernden Einfluß auf das Genprodukt. Diese Differenzen sind zwar markant, insgesamt aber doch so geringfügig, daß sie deutlich gegen eine Kontamination der fossilen DNA-Proben mit rezenter DNA sprechen, wobei die Variationsbreite der rezenten Pflanzen nicht genau untersucht ist und somit eine letzte Beurteilung aussteht. Das unterstreicht auch PÄÄBO (1996), wenn er seine skeptische Haltung zur Frage der Originalität dieser fossilen DNA-Sequenzen mit der Bemerkung abschließt: „Thus, at the moment I would keep an open mind on the authenticity of these sequences."

Schlußfolgerung

Angesichts der vorliegenden und hier vorgestellten Veröffentlichungen über die Untersuchungen fossiler DNA aus dem Miozän von der Fossillagerstätte bei Clarkia, Idaho, scheint das von vielen Autoren aus diesem Arbeitsgebiet immer wieder geforderte Kriterium der Reproduzierbarkeit (z.B. HANDT et al. 1994) vorläufig erfüllt zu sein. Dessenungeachtet bleibt zu hoffen, daß angesichts der Ergiebigkeit dieses Fundorts noch eine große Zahl von Untersuchungen zu diesem Thema durchgeführt werden.

Andererseits erfordern die kritischen Anfragen nach der chemischen Langzeitstabilität des Makromoleküls DNA viel substanziellere Antworten als die gegenwärtig vorliegenden, damit diese Fragen als beantwortet gelten können.

> Die Anfragen nach der chemischen Langzeitstabilität der DNA erfordern viel substanziellere Antworten als die gegenwärtig vorliegenden.

In dieser zwiespältigen Situation scheinen dem Autor verschiedene Möglichkeiten zukünftiger Strategien möglich. Die postulierten Schutzmechanismen gegen einen vollständigen Abbau der DNA bedürfen dringend einer experimentellen Grundlage; hier ist der gegenwärtige Erkenntnisstand absolut unbefriedigend. Dabei darf allerdings nicht übersehen werden, daß auch gute experimentelle Grundlagen prinzipiell keinen letzten Beweis für die Wirksamkeit eines solchen Mechanismus für die Konservierung fossiler DNA in der geologischen Zeitspanne erbringen können. Dies deshalb, weil die Fragestellung nach ihrer Grundstruktur eine historische ist und darum grundsätzlich nicht mit naturwissenschaftlichen Methoden direkt beantwortet werden kann, sondern nur Möglichkeiten aufgezeigt werden können, die nicht im Widerspruch zu unserem gegenwärtigen Erkenntnisstand stehen. Um den Resultaten von Untersuchungen zu fossiler DNA eine größere Aussagekraft zu verlei-

hen, ist es aus der Sicht eines Chemikers unbedingt wünschenswert, diese insofern breiter anzulegen, als daß auch andere biogene Makromoleküle mit einbezogen werden. Erfreulicherweise sind erste Schritte in dieser Richtung unternommen worden (LOGAN et al. 1993; BADA et al. 1994), auch wenn die Empfindlichkeit der Analysemethoden für andere Makromoleküle im Vergleich zur PCR z.T. erheblich geringer sind.

Solange sich keine durch experimentelle Befunde gestützten Argumente finden lassen, welche eine Konservierung der molekularen Struktur der DNA über lange Zeiträume vorstellbar machen, stehen die zeitlichen Zuordnungen geologischer Schichtfolgen im Widerspruch zu den Befunden der fossilen DNA.

Anmerkungen

[1] Schriftliche Anfragen an Dr. E. M. GOLENBERG und Dr. P. S. SOLTIS nach weiteren Daten zu fossiler DNA aus Clarkia-Fossilien blieben bisher unbeantwortet.

[2] Weitere Sequenzdaten, die in den Publikationen erwähnt werden, habe ich auf schriftliche Anfragen bei den Autoren bis heute nicht erhalten.

Literatur

BADA JL, WANG XS, POINAR HN, PÄÄBO S & POINAR GO (1994) Amino acid racemization in amber-entombed insects: implications for DNA preservation. Geochim. Cosmochim. Acta *58*, 3131-3135.

DESALLE R & GRIMALDI D (1994) Very old DNA. Curr. Op. Genetics Develop. *4*, 810-815.

EGLINTON G & LOGAN GA (1991) Molecular preservation. Phil. Trans. R. Soc. Lond. B *333*, 315-328.

FREDERICO LA, KUNKEL TA & SHAW BR (1990) A sensitive genetic assay for the detection of Cytosine deamination: Determination of rate constants and the activation energy. Biochem. *29*, 2532-2537.

GOLENBERG EM (1991) Amplification and analysis of Miocene plant fossil DNA. Phil. Trans. R. Soc. Lond. B *333*, 419-427.

GOLENBERG EM, GIANNASI DE, CLEGG MT, SMILEY CJ, DURBIN M, HENDERSON D & ZURAWSKI G (1990) Chloroplast DNA sequence from a Miocene Magnolia species. Nature *344*, 656-658.

GOODHEAD DT (1994) Initial events in the cellular effects of ionizing radiations: clustered damage in DNA. Int. J. Radiat. Biol. *65*, 7-17.

HAGEN U (1987) Genetische Wirkung kleiner Strahlendosen. Naturwissensch. *74*, 3-11.

HANDT O, HÖSS M, KRINGS M & PÄÄBO S (1994) Ancient DNA: methodological challenges. Experientia *50*, 524-529.

HIGUCHI R, BOWMAN B, FREIBERGER M, RYDER OA & WILSON AC (1984) DNA sequences from the quagga, an extinct member of the horse family. Nature *312*, 282-284.

KARRAN P & LINDAHL T (1980) Hypoxanthin in deoxyribonucleic acid: generation by heat induced hydrolysis of Adenine residues and release in free form by a deoxyribonucleic acid glycosylase from calf thymus. Biochem. *19*, 6005-6011.

LINDAHL T & NYBERG B (1972) Rate of depurination of native deoxyribonucleic acid. Biochem. *11*, 3610-3618.

LINDAHL T & ANDERSSON A (1972) Rate of chain breakage at apurinic sites in double-stranded deoxyribonucleic acid. Biochem. *11*, 3618-3623.

LINDAHL T (1993a) Instability and decay of the primary structure of DNA. Nature *362*, 709-715.

LINDAHL T (1993b) Recovery of antediluvian DNA. Nature *365*, 700.

LOGAN GA, BOON JJ & EGLINTON G (1993) Structural biopolymer preservation in Miocene leaf fossil from the Clarkia site, northern Idaho. Proc. Natl. Acad. Sci. USA *90*, 2246-2250.

Mullis KB (1990) Eine Nachtfahrt und die Polymerase-Kettenreaktion. Spektrum der Wissenschaft (6) 60-67.

PÄÄBO S (1985) Molecular cloning of an Egyptian mummy DNA. Nature *314*, 644-645.

PÄÄBO S (1996) Persönliche Mitteilung vom 21.10.1996

PÄÄBO S & WILSON AC (1991) Miocene DNA sequences – a dream come true? Current Biology *1*, 45-46.

POINAR HN, CANO RJ & POINAR jr. GO (1993) DNA from an extinct plant. Nature *363*, 677.

POINAR HN, HÖSS M, BADA JL & PÄÄBO S (1996) Amino acid racemization and the preservation of ancient DNA. Science *272*, 864-866.

ROMANOWSKI G, LORENZ MG & WACKERNAGEL W (1991) Adsorption of plasmid DNA to mineral surfaces and protection against DNase I. Appl. Environ. Microbiol. *57*, 1057-1061.

RYDBERG B & LINDAHL T (1982) Nonenzymatic methylation of DNA by the intra cellular methyl group donor S-adenosyl-L-methionine is a potentially mutagenic reaction. EMBO J. *1*, 211-216.

SCHULTE-FROHLINDE D (1990) Die Chemie des zellulären Strahlentodes. Chem. i. u. Zeit *24*, 37-44.

SETLOW P (1992) I will survive: protecting and repairing spore DNA. J. Bact. *174*, 2737-2741.

SETLOW B & SETLOW P (1995) Small, acid-soluble proteins bound to DNA protect Bacillus subtilis spores from killing by dry heat. Appl. Environ. Microbiol. *61*, 1787-1790.

SMILEY CS (ed, 1985) Late Cenozoic History of the Pacific Northwest. AAAS, San Fancisco, California.

SIDOW A, WILSON AC & PÄÄBO S (1991) Bacterial DNA in Clarkia fossils. Phil Trans. R. Soc. Lond. B *333*, 429-433.

SOLTIS PS, SOLTIS DE & SMILEY CJ (1992) An rbcL sequence from a Miocene Taxodium (bald cypress). Proc. Natl. Acad. Sci. USA *89*, 449-451.

James Hutton (1726-1797) – ein Begründer der Geologie

Thomas Fritzsche, Bahnhofstr. 2, 37139 Adelebsen

Zusammenfassung: **Vor 200 Jahren starb James Hutton (1726-1797) in seiner Geburtsstadt Edinburgh in Schottland. Im gleichen Jahr wurde Charles Lyell (1797-1875) geboren, der maßgeblichen Anteil an der Herausbildung des Status hatte, den die spätere Geschichtsschreibung James Hutton zuwies: dem eines Begründers der Geologie. Huttons Werk, die *Theory of the Earth* (1788, 1795), stand am Beginn des „heroischen Zeitalters" der Geologie, das etwa von 1790 bis 1830 währte. Die *Theory* war anfangs nicht weit verbreitet. Es bedurfte der Hilfe des schottischen Naturphilosophen und Mathematikers John Playfair (1748-1818), die Vorstellungen Huttons der Nachwelt in gestraffter Form zugänglich zu machen. Die *Illustrations of the Huttonian Theory* (1802) wurden bekannter als Huttons voluminöser Zweibänder. Nach Playfair und Lyell war es schließlich Sir Archibald Geikie (1897), der den sich bis in die modernen Lehrbücher hinein erhaltenden Hutton-Mythos begründete. Nach geologischer Geschichtsschreibung war Hutton der Genotypus des modernen Geologen, der seine Theorie erst nach sorgfältiger Analyse der Geländebefunde aufstellte. In der wissenschaftshistorischen Literatur der letzten Jahrzehnte hat eine gründliche Auseinandersetzung mit bekannten und weniger bekannten Forscherpersönlichkeiten, ihrem intellektuellen Umfeld und den Zwängen ihrer Epoche, eingesetzt. Dadurch hat Huttons geologische Arbeitsmethodik einiges von ihrem Glanz verloren, zugleich wurde aber das Verständnis für die Gesamtschau dieses großen Denkers hervorgehoben.**

Die Geologie gegen Ende des 18. Jahrhunderts

Zur Zeit Huttons standen die Erdwissenschaften (der Begriff Geologie war noch nicht gebräuchlich) kurz vor dem Sprung, ihren Platz im Konzert der naturwissenschaftlichen Disziplinen einzunehmen. Privatgelehrte, Mediziner, Juristen, Bergbauingenieure und Sammler hatten die Geologie im 18. Jahrhundert begründet, am Anfang des 19. Jahrhunderts hatte sie ihre Eigenständigkeit erlangt. An der Wende vom 18. zum 19. Jahrhundert wurden die Belange und praktischen Erfahrungen des Bergbaus erstmals wirkungsvoll mit den theoretischen Konstruktionen zusammengeführt. Eine herausragende Figur war Abraham Gottlob Werner in Freiberg (Sachsen), dessen Ehrgeiz bei der Systematisierung mineralogischer und geologischer Kenntnisse die Grundlagen für mehrere geowissenschaftliche Teilgebiete schuf.

Eine am biblischen Schöpfungs- und Sintflutbericht orientierte Erdgeschichte war auf breiter Front auf dem Rückzug. Die Deutung der Fossilien als Lebewesen hatte sich in der ersten Hälfte des 18. Jahrhunderts endgültig durchgesetzt und schien mit dem Sintflutbericht gut vereinbar. Doch schon gegen Ende des Jahrhunderts häuften sich die kritischen Einwände. Vorsichtige Schätzungen des Kosmos- und Erdalters gingen weit über das biblische Zeitmaß hinaus. De Maillet (1748) meinte in seinem posthum veröffentlichten *Telliamed,* Menschen gäbe es schon seit 500.000 Jahren. Kant (1755) sprach ebenso von Millionen Jahren wie von Justi (1771), dem Millionen Jahre kaum ausreichend zu sein schienen. Buffon (1778) hatte aus der Abkühlung von Eisenkugeln auf ein Erdalter von 75.000 Jahren geschlossen. Werner nahm ein Erdalter von 1 Million Jahren an, für Erasmus Darwin waren es Millionen von Zeitaltern (Blei 1981).

Noch war die Sintflut als historisches Ereignis anerkannt, und die Ablagerungen der großen Flut wurden in der geologischen Gesteinsfolge identifiziert. Es wurden jedoch nur noch die jüngsten, meist unverfestigten Sedimente, die unmittelbar unter den modernen Kulturhorizonten lagen, als Sintflutablagerungen angesehen. Als zu Beginn des 19. Jahrhunderts die Vergletscherung weiter Teile der Erde postuliert wurde, waren auch diese Sintflutzeugnisse in Frage gestellt. Die bekanntesten Sintflut-Vertreter der damaligen Zeit gaben etwa um 1840 ihre Deutung zugunsten der Vereisungstheorie auf.[1]

James Huttons *Theory of the Earth* erschien mitten in dieser Zeit des Umbruchs. Er öffnete wie kein anderer den Blick für unermeßliche geologische Zeiträume; übernatürliche Eingriffe ins Naturgeschehen oder gewaltige Katastrophen, wie z.B. eine Sintflut, lehnte er ab. Als Erklärung dienten ihm die heute beobachtbaren Prozesse, eine Sichtweise, die später mit dem Begriff Uniformitarismus (auch: Uniformismus) belegt wurde.

Lebenslauf

James war der zweite Sohn von William Hutton und Sarah Balfour. Sein älterer Bruder starb bereits im Kindesalter, sein Vater, als James gerade drei Jahre alt war. William Hutton war ein angesehener Händler und zeitweise City Treasurer von Edinburgh. Von James' drei Schwestern Isabella, Jean und Sarah überlebte ihn nur Isabella.

Stud. Int. J. 4 (1997), 22 – 32

James besuchte die High School in Edinburgh und ab November 1740 die Universität. Zu dieser Zeit wurde sein Interesse für Chemie geweckt. Ab 1743 ging er bei einem Rechtsanwalt in die Lehre. Die langweiligen Schreibarbeiten wurden durch kleine chemische Experimente aufgelockert, und so konnte das Arbeitsverhältnis nicht von Dauer sein. 1744 begann Hutton mit dem Studium der Medizin, für längere Zeit wahrscheinlich nur als Gasthörer. Um das Studium mit einem offiziellen Grad abschließen zu können, verließ er 1747 Edinburgh in Richtung Kontinent. In Paris studierte er Chemie und Anatomie und schloß 1749 in Leyden ab; der Titel seiner Doktorarbeit hieß *De sanguine* et *Circulatione in Microcosmo* (Über das menschliche Blut und seinen Kreislauf).

Zurückgekehrt nach Edinburgh, teilte er verschiedenen Freunden seine Bedenken über den weiteren Berufsweg mit, denn als praktizierender Arzt würde er kaum Zeit für sein Hobby finden. Eine freudige Nachricht erreichte ihn: Zurückgehend auf frühere gemeinsame Experimente hatte John Davie inzwischen ein Verfahren zur Salmiakgewinnung aus Ruß weiterentwickelt; die Anwendung des Verfahrens garantierten ihm und Hutton eine dauerhafte Einnahmequelle.

Im Sommer 1750 wurde die Medizin zugunsten eines Studiums der Agrarwissenschaften aufgegeben. Während insgesamt mehrjährigen Aufenthalten auf landwirtschaftlichen Betrieben studierte Hutton die modernsten Methoden des Ackerbaus, der Viehzucht und der Milchwirtschaft einschließlich der Butterherstellung. Mit einer Reise nach Holland, Belgien und Frankreich beendete er diese Phase seiner Ausbildung und ging ab 1754 daran, das Gelernte umzusetzen. Für die nächsten 12 Jahre bewirtschaftete er das kleine Landgut Slighshouses in Berwickshire, das er von seinem Vater geerbt hatte. Bei allem Enthusiasmus für die Landwirtschaft gab es aber auch Schwierigkeiten. Hutton konnte nur unter Mühen einen Pflüger für seinen Betrieb anwerben; vermutlich waren die ständigen Konflikte mit seinem Angestellten der ausschlaggebende Grund, das Landgut zu verpachten und nach Edinburgh zurückzukehren (Bailey 1967).

Huttons Interesse für die Geologie entwickelte sich vermutlich um 1753. Slighshouses wurde zum Ausgangspunkt für die ersten ausgedehnten Exkursionen. Hutton beobachtete die Gesteinsverfestigung, die Herkunft von Geröllen aus festem Gestein und entdeckte marine Fossilien in den Gesteinen. Seine Reisen führten ihn durch Schottland und bis auf die Isle of Wight in Südengland. Nach seiner Rückkehr nach Edinburgh widmete er die nächsten fast 30 Jahre der privaten Forschung. Zu den praktischen Tätigkeiten gehörten weitere Exkursionen in Schottland, Wales und England sowie chemische Experimente. Hutton war der erste, der die Alkalien in den Mineralen der Zeolith-Gruppe nachwies. In den letzten zwölf Jahren seines Lebens wurden alle seine bedeutenden Arbeiten publiziert.

James Hutton

geboren am 3. Juni 1726 in Edinburgh/Schottland	
1740-1743	Studium der Geisteswissenschaften in Edinburgh
1743-1744	in der Lehre bei einem Rechtsanwalt
1744-1747	Studium der Medizin in Edinburgh
1747-1749	Studium der Chemie und Anatomie in Paris
1749	Abschluß in Leyden
1750-1754	Studium der Agrarwissenschaften
1754-1768	Bewirtschaftung einer Länderei; zahlreiche Exkursionen in Schottland und England
ab 1768	als unabhängiger Gentleman in Edinburgh
1785-1795	Publikation zahlreicher Arbeiten zur Naturkunde und Philosophie
gestorben am 26. März 1797	

Abb. 1: James Hutton (1726-1797) im Alter von etwa 50 Jahren

Freunde und Umfeld

Die zweite Hälfte des 18. Jahrhunderts gilt als Zeit der schottischen Aufklärung (scottish enlightenment), das Zentrum war Edinburgh, und hier residierte James Hutton. Zu seinen Freunden und Bekannten zählten die herausragenden Wissenschaftler der damaligen Zeit: die Philosophen David Hume (1711-1776) und Adam Ferguson (1723-1816), der Ökonom Adam Smith (1723-1790), der Chemiker Joseph Black (1728-1799) und der Mathematiker John Playfair (1748-1819). Black war seit 1766 Professor für Chemie; zu seinen herausragenden Arbeiten gehören die Entdeckung des Kohlendioxids und der latenten Schmelz- und Verdampfungswärme. Auch untersuchte er den Einfluß des Druckes auf chemische Reaktionen, was auf Hutton nicht ohne Wirkung blieb.

Eine enge Freundschaft verband Hutton mit Sir John Hall of Dunglass, der nur 9 Meilen von Slighshouses entfernt wohnte. Später begleitete ihn des-

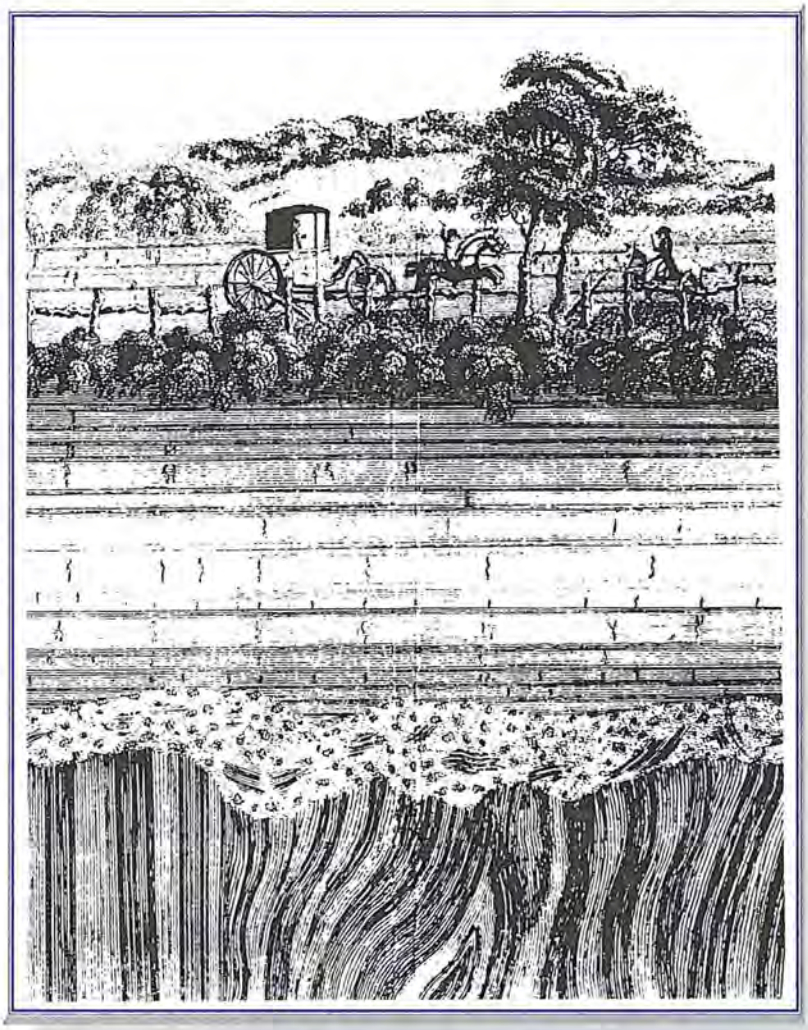


Abb. 2: Die berühmte Diskordanz am Ufer des Jed (Südschottland), eine Abbildung, die Hutton seiner Theory *beifügte. Die unteren Schichten sind einstige Meeresablagerungen, die bei der Landhebung steilgestellt wurden. Darüber liegt ehemaliger Abtragungsschutt. Als das Land wieder unter den Meeresspiegel sank, wurden die waagrechten Sandsteinschichten abgelagert. Anschließend wurde das Land wieder angehoben. Für Hutton war diese Stelle eine Bestätigung für seine Vorstellungen von geologischen Kreisläufen und den unermeßlichen Zeiträumen.*

sen Sohn Sir James Hall (1761-1832), der Begründer der experimentellen Petrologie, auf einigen Exkursionen. Die wichtigste Rolle spielten die Clerks: Sir George Clerk (1713-1784) und sein jüngerer Bruder John Clerk of Eldin (1728-1812), dessen theoretisches Werk über die Seekriegsführung lobend von Nelson erwähnt wurde. John war vermutlich der engste Vertraute Huttons. Die Zeichnungen, die er während den Exkursionen zusammen mit Hutton anfertigte, zeugen von einem tiefen Verständnis für geologische Zusammenhänge.

Außer Hutton waren auch Black, Hume, Playfair und Smith Junggesellen. Huttons unehelicher Sohn James ist wahrscheinlich in der Zeit geboren, als Hutton sich anschickte, nach Paris zu gehen. Für die Erziehung, Ausbildung und die finanzielle Unterstützung seines Sohnes hat er stets gesorgt. Die wöchentlichen Treffen im sog. Oyster Club, der von Hutton, Black und Smith um 1778 gegründet wurde, waren von freundlicher Atmosphäre geprägt, unter den Teilnehmern herrschte keinerlei Neid. Wie Huttons Biograph Playfair später ebenfalls schrieb, überraschte Hutton seine Freunde immer wieder mit seinem lebhaften Interesse an allen neuen Entdeckungen und Erfindungen.[2] An Smiths Überlegungen zu *Wealth of Nations* nahm er ebenso Anteil wie an der Erfindung der Dampfmaschine durch James Watt (1736-1818) oder den Berichten von den Entdeckungsfahrten Cooks in der Südsee.

Werk

Eine Zusammenfassung aller Forschungen, die Hutton im Verlauf vieler Jahrzehnte anstellte, wird ihn zuerst als Agrarwissenschaftler auszeichnen. Offensichtlich war es dieses Fachgebiet, das ihn am meisten fesselte und auch zu seinen geologischen Überlegungen inspirierte. Kurz vor seinem Tod arbeitete er an einem großen Werk, den *Elements of Agriculture,* das nie publiziert wurde. Außerdem verfaßte er ein dreibändiges Werk über Philosophie, ein Buch über verschiedene Themen aus den Naturwissenschaften und eine Dissertation über die chinesische Sprache. Die Bandbreite seiner naturkundlichen Studien unterstreichen eine kleine botanische Arbeit und eine *Theory of Rain.*

Der Nachwelt blieb er fast ausschließlich als Geologe bekannt. Seine geologischen Publikationen beginnen im Jahr 1777 mit einer Untersuchung unterschiedlicher Kohlesorten in England und Schottland, die als Grundlage zur Besteuerung herangezogen wurde. Das Forth-and-Clyde-Kanalprojekt folgte der von Hutton vorgeschlagenen Route. Obwohl Huttons geologische Vorstellungen schon früh gereift waren, währte es rund zwei Jahrzehnte, bis er seine Erkenntnisse öffentlich präsentierte. Wahrscheinlich waren Joseph Black und John Eldin die einzigen, die im ganzen Umfang in Huttons Vorstellungen einweiht waren.

Der erste Teil der Zusammenfassung der *Theory* wurde am 7. März 1785 vor der Royal Society of Edinburgh von Joseph Black vorgelesen; Hutton fehlte wegen Krankheit. Den zweiten Teil las er am 4. April selbst.[3] Ein weiterer Termin ist für den 4. Juli vermerkt; vermutlich kam es hier zu einer größeren Diskussion. Die Publikation der *Theory* verzögerte sich allerdings bis zum Jahre 1788, als die erste Ausgabe der *Transactions of the Royal Society* erschien. Strikt nach Reihenfolge der mündlichen Präsentationen, findet sich hierin zuerst Huttons *Theory of Rain* auf den Seiten 41-86; die *Theory of the Earth* folgt auf den Seiten 209-304.

Die zeitliche Lücke zwischen 1785 und 1788 ist insofern von Bedeutung, als Huttons Ruhm auf zwei wichtigen Geländebeobachtungen gründet, die ihn auch nach heutigem Verständnis als exzellenten Geologen auszeichnen würden: Zum einen sind dies die magmatischen Intrusionen („granitische" Schmelzen sind in bereits existierende Gesteine eingedrungen)

in Glen Tilt (1785), Galloway (1786) und auf Arran (1787), zum anderen die Diskordanzen auf Arran, im Tal des Jed (1787) und Siccar Point (1788) (siehe Abb. 2 und 3). Wie er selbst schreibt, machte er seine Entdeckungen erst nach der Publikation der Kurzfassung, was erklärt, warum sich darin kein Hinweis auf die Entstehung der Granite aus der Schmelze findet.

Es fällt nun auf, daß er seine neuen Erkenntnisse nicht dem *Abstract* von 1785 anfügte. Technisch wäre dies möglich gewesen, vielleicht widersprach es aber den Statuten. Somit kann man heute nur spekulieren, welche Wirkung seine *Theory* gehabt hätte, wäre sie zugleich mit den Beobachtungen auf den Exkursionen bekannt geworden. Ohnehin hatte es Hutton nicht sehr eilig, sich durch die Veröffentlichung Anerkennung und Urheberschaft zu sichern. Nach Playfair hatte er mehr Freude an den Erkenntnissen an sich, als an dem Ruhm, der dem ersten Entdecker gewöhnlich gezollt wird.

Die Publikation der *Theory* in Buchform erfolgte im Jahr 1795. Es ist nicht sicher, wann sich Hutton dazu entschloß, doch sah er sich aufgrund der kritischen Einwände von de Luc und Kirwan ohnehin zu einer gründlichen Verteidigung veranlaßt. Bei den beiden Bänden handelt es sich um eine erweiterte Fassung der *Theory* von 1788, wobei Hutton eine Vielzahl anderer Autoren zitiert. Zwischenzeitlich war er erkrankt und konnte sich nur im Verlauf von mehreren Monaten von einer Operation erholen. Das Manuskript des dritten Bandes der *Theory* war so gut wie fertiggestellt, als Hutton im März 1797 starb.[4]

Grundaussagen der Theory

Die Grundzüge der *Theory* sind in der Zusammenfassung von 1785 niedergelegt. Hutton möchte zu einer Aussage gelangen, wie lange die Erde schon existiert, um Planzen und Tiere zu beherbergen, welche Veränderungen auf der Erde seitdem stattgefunden haben und was sich über die Zukunft sagen läßt. Da das heutige feste Land aus Material gebildet wurde, das sich einst am Meeresgrund angesammelt hatte – erkenntlich an den Fossilien im Gestein –, kann die uns vertraute Erdoberfläche nicht ursprünglich sein. Wir müssen daraus schließen, so Hutton, daß es früher ebenfalls Land, Meer, Küsten, Gezeiten usw. gab. Der einstige Meeresboden ist die heutige Landoberfläche, diese wird, wie wir überall erkennen, abgetragen und ins Meer geschwemmt, wo sich das Material des zukünftigen Landes ansammelt.

Wie werden die Meeresablagerungen verfestigt? Dafür gibt es nach Hutton nur zwei Erklärungen: Entweder durch die Wirkung von Wasser in der Art einer Konkretion oder durch Wärme. Die erste Möglichkeit schließt er aus, da Wasser ohne das Mitwirken weiterer Substanzen wirkungslos ist. Die Verschmelzung durch Wärme bleibt als einzige Möglichkeit übrig, finden wir doch Gänge und

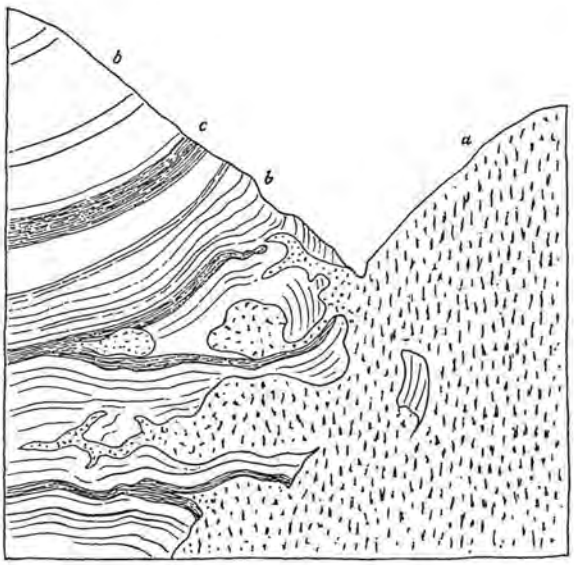


Abb. 3: Granitadern, die einst in Ablagerungsgesteine eindrangen. Diese Stelle entdeckte Hutton im September 1785 bei Glen Tilt in den schottischen Highlands. Sie unterstrich seine Annahme, daß Granite kein ursprüngliches Gestein sind, sondern, wie in diesem Fall, zeitlich nach den Sedimenten aus dem Schmelzfluß entstanden. (Nach Charles Lyell: Elements of Geology, 1863, S. 702).

Spalten, die mit ganz anderen Mineralen gefüllt sind als das Gestein, das sie durchdrungen haben. Die Existenz der Wärme im Untergrund ist durch die Vulkane bewiesen; die Vulkane führen überschüssige Energie ab, eine sinnvolle Einrichtung zum Schutz der Menschheit. Die häufig vorkommenden Basalte (whinstone) sind die Zeugen von Schmelzprozessen im Untergrund.

Das von Hutton propagierte System basierte nach seinen Worten nur auf der Anwendung bekannter und erforschter Prinzipien: Die Abtragung von Land läßt sich unmittelbar beobachten, auf die Wirkung der Wärme kann aus chemischen Gründen und der gestörten Lagerung der Gesteine geschlossen werden. Gemessen an dem Beobachtungshorizont der Menschen verläuft die Abtragung der Landoberfläche unendlich langsam. Wenn es aber dereinst ebenfalls ein Meer und ein Land gab, wo die Prozesse den gleichen Prinzipien gehorchten, dann eröffnen sich uns unermeßliche Zeiträume. Schließlich erklärt nur dieses System, warum die Erde damals wie heute Leben erhält, indem sich auf dem Meeresgrund die Stoffe für eine neue Landoberfläche und frischen Erdboden zur Ernährung der Pflanzen sammeln.

Im 1788 publizierten Werk werden die Ausführungen des *Abstracts* erweitert. Zunächst betont Hutton noch einmal die göttliche Weisheit und Vorsehung, die diesem System „Erde" zugrundeliegt, indem die wirkenden Kräfte so wundervoll aufeinander abgestimmt sind, daß sie das Leben erhalten. Die Abtragung der Landoberfläche und die Wegschwemmung des Bodens müssen durch die Entstehung neuen Landes, das sich am Meeresgrund formiert, ausgeglichen werden. Es folgt die Beschreibung von Phänomenen (Minerale, Gesteine, Geysire, Vulkane, Kohle), die die Wirkung von Wärme mit anschließender Landhebung zeigen sollen.

Nachdem Hutton seine Leser durch die *Theory* geführt hat, kommt die berühmte abschließende Passage, aus der oft nur der letzte Teil zitiert wird: *„Nachdem wir in der Naturgeschichte dieser Erde ein Aufeinanderfolgen von Welten gesehen haben, können wir daraus schließen, daß es in der Natur ein System gibt; in ähnlicher Weise, wie aus der Beobachtung der*

Wichtige Werke Huttons

1749	Dissertatio Physico-Medica Inauguralis de Sanguine et Circulatione Microcosmi. Leiden. Eingereicht am 12. September 1749. 34 Seiten
1777	„Considerations on the Nature, Quality, and Distinctions of Coal and Culm, with Inquiries, Philosophical and Political, into the Present State of the Laws, and the Questions Now in Agitation Relative to the Taxes upon These Commodities." Edinburgh, 38 Seiten
1785	Abstract of a Dissertation (siehe Literaturliste).
1788	„The Theory of Rain." Trans. Roy. Soc. Edin, 1(2), 41-86. Gelesen am 2. Februar und 12. April 1784.
1788	„Theory of the Earth; or an Investigation of the Laws Observable in the Composition, Dissolution, and Restoration of Land upon the Globe." Trans. Roy. Soc. Edin., 1(2): 209-304.
1792	Dissertations on Different Subjects in Natural Philosophy. Edinburgh, Cadell and Davies, 740 Seiten.
1794	An Investigation of the Principles of Knowledge, and of the Progress of Reason, from Sense to Science and Philosophy. 3 Bände, zusammen 2138 Seiten, Edinburgh, Strahan and Cadell.
1794	A Dissertation upon the Philosophy of Light, Heat, and Fire. Edinburgh, Strahan and Cadell, 326 Seiten.
1794	„Observations on Granite." Trans. Roy. Soc. Edin., 3(2): 77-85. Gelesen am 4. Januar 1790 und 1. August 1791.
1795	Theory of the Earth, with Proofs and Illustrations. 2 Bände, zusammen 1187 Seiten, Edinburgh.
1796-97	Elements of Agriculture. Manuskript, 2 Bände, 1045 Seiten.
1899	Theory of the Earth, with Proofs and Illustrations. Vol. 3. Hrsg. A. Geikie. The Geological Society, London, 292 Seiten.

Umkreisungen der Planeten geschlossen wird, daß es ein System gibt, demzufolge sie dazu gedacht sind, diese Umkreisungen fortzuführen ... Das Ergebnis der hier vorliegenden Untersuchung ist daher das, daß wir keine Spur eines Anfangs finden, – keine Aussicht auf ein Ende" (zitiert nach GOULD 1986).

Die zwei Bände der *Theory* von 1795 sind eine erweiterte Fassung von 1788. Hutton setzt sich darin auch mit einigen Einwänden seiner Kritiker auseinander. Die *Theory* enthält viele Zitate, am häufigsten wird de Saussures *Voyages dans Les Alpes* erwähnt. Allein im zweiten Band finden sich 256 Zitate; diese sind z.T. so ausführlich, daß Huttons eigener Text fast zu Fußnoten wird. Kennzeichnend für das Literaturstudium Huttons war die Durchforstung von Reisebeschreibungen, um Fakten herausfiltern, die seine Theorie stützten. Auf eine gründliche Beschäftigung mit den Theoriengebäuden anderer Forscher verzichtete er, da er deren Vorstellungen ablehnte. Huttons geologisches Meisterwerk ist das Manuskript des dritten Bandes, der erst 1899 gedruckt wurde. Hierin werden die Geländebeobachtungen von 1785-1788 diskutiert und mit den Studien anderer Forscher in den Alpen, den Pyrenäen und in Kalabrien verglichen.

In der Gesamtschau ist Huttons *Theory* zu lang und in der Argumentation zu umständlich, und bei alledem nicht immer überzeugend. Die Komprimierung durch PLAYFAIR (1802) war sicher ein wertvoller Dienst. 200 Jahre nach Hutton zu fragen, was von seinem Konzept überdauert hat, ist ein zweifelhaftes Unterfangen: Zuviel hat sich seitdem verändert. Sein bedeutendster Beitrag war wahrscheinlich die Einführung des geologischen Kreislaufes (DAVIES 1969). Mit dem ständig wiederkehrenden Zyklus von Abtragung – Ablagerung – Verfestigung – Heraushebung wurde jeder denkbare Zeitrahmen gesprengt. Aus den bis dahin vermuteten wenigen Jahrmillionen wurde „unendlich". Playfair formulierte es angesichts des Besuches von Siccar Point 1788 so: „Es wurde einem schwindelig beim Blick in den Abgrund der Zeit" (BAILEY 1967, S. 56). Einige Aspekte von Huttons Einfluß auf die Geologie sowie von den Fundamenten seines Konzepts verdienen hervorgehoben zu werden.

Spätere Würdigung Huttons

Huttons *Theory* wurde zunächst in die Reihe der großen spekulativen Erdtheorien eingereiht, wie man sie schon aus den vergangenen beiden Jahrhunderten kannte (so von Kirchner, Whiston, Burnet); sie hätte vielleicht nur „eine Fußnote der Geologiegeschichte abgegeben" (GOULD 1992). Doch nur fünf Jahre nach Huttons Tod veröffentlichte John Playfair die *Illustrations*, eine gekürzte und von einigen spekulativen Überlegungen bereinigte Erdtheorie Huttons. Playfair, im Besitz des Manuskriptes von Band 3 der *Theory*, hätte dieses publizieren lassen können. Angesichts der allgemeinen Kritik an Huttons Arbeit wählte er einen anderen Weg. Die *Theory* wurde in den *Illustrations* auf ihr zentrales geologisches Anliegen hin umgestaltet, nicht zuletzt deshalb, weil Playfair selbst mit dem philosophischen Beiwerk Huttons nicht einverstanden war. Durch dieses Vorgehen war Hutton ein dauerhafter Platz unter den Größen seiner Zeit gesichert (CRAIG et al. 1978, S. 7). Spätere Generationen lernten ihn fast ausschließlich über die *Illustrations* kennen. Auch Charles Lyell, dessen Werk *Principles of Geology* ab 1830 erschien, scheint sich im wesentlichen auf Playfair bezogen zu haben (DEAN 1992, S. XI).[5]

Die oft anzutreffende Meinung, Huttons *Theory* sei überhaupt erst durch das Wirken Playfairs bekannt geworden, läßt sich nicht bestätigen. In verschiedenen regelmäßig erscheinenden Publikationen wurde die *Theory* in ihren Grundzügen dargestellt und das Wesentliche meist korrekt erfaßt. Den meisten Platz räumte die *Enzyklopedia Britannica* einer Zusammenfassung der *Theory* ein. Insgesamt darf gesagt werden, daß die *Theory* sehr freundlich aufgenommen, jedoch grundsätzlich abgelehnt wurde (DEAN 1992).

Weder Playfair noch Lyell[6] zeichneten also ein vollständiges Bild von Huttons Konzeption. Dennoch wurden in der Folgezeit beide Autoren zur Quelle über James Hutton. Die Folgen ihrer Umdeutung kommen im Geschichtswerk zur Geologie von Sir Archibald Geikie zur Geltung. Darin wird Hutton glorifiziert. Er ist der Mustergeologe schlechthin, seine

Art und Weise Geologie zu betreiben, wird als vorbildlich gepriesen: *„In allem, was er lehrte, hütete Hutton sich standhaft davor, irgendein Prinzip zuzulassen, das nicht auf Beobachtung gegründet werden konnte. Dabei machte er keine Ausnahmen. Jeder Schritt in seinen Deduktionen beruhte auf wirklichen Tatsachen, und die Tatsachen wurden so angeordnet, daß sie selbstverständlich und zwangsläufig die Schlußfolgerungen ergaben, die er aus ihnen zog... Auf der Suche nach Fakten bewegte er sich viel im Gelände."* Der Hutton-Mythos ist geboren und hat sich bis in unsere Tage hinein erhalten (GOULD 1992). Ob Hutton wirklich primär der Geologe war, den Geikie aus ihm machte, wird in einem späteren Abschnitt über seine physikalischen Vorstellungen deutlicher.

Neptunismus und Plutonismus

Den Vorstellungen Huttons werden in praktisch allen Einführungen zur Geologiegeschichte die von Abraham Gottlob Werner (1749-1817) aus Freiberg gegenübergestellt. Werner überlebte Hutton um rund 20 Jahre, und beide Forscher korrespondierten nicht miteinander. Werner betrachtete fast alle Gesteine als aus dem Wasser ausgeschieden oder vom Wasser transportiert und abgelagert. Granite und Gneise waren die frühen Ausscheidungen eines heißen Urozeans, der sich im Laufe der Zeit zurückzog, aber nicht ohne des öfteren über Teile der Kontinente zu fluten und die bekannte Folge der Ablagerungsgesteine zu hinterlassen. Es ist die offenkundige Verwandtschaft dieser Vorstellung mit dem biblischen Schöpfungsbericht, die Werner im Nachhinein eine schlechte „Presse" einbrachte.

Heute wirkt diese als Neptunismus[7] bezeichnete Deutung arg verfehlt, ihre Verfechter, allen voran Werner, scheinen halsstarrig gewesen zu sein. Doch muß man dieser Sichtweise zugute halten, daß sie nicht besser oder schlechter sein konnte als die wissenschaftliche Gesamtsituation in der damaligen Zeit. Die Ausfällung von Kristallen aus der Lösung war ein allen Forschern bekanntes Phänomen. Bei der raschen Abkühlung von Schmelzen entstanden hingegen Gläser und keines der bekannten Gesteine. Erst James Hall, von Huttons Vorstellungen geleitet, konnte mit seinen Experimenten zur langsamen Abkühlung von Schmelzen unter Druck den Gesteinen vergleichbare Produkte gewinnen.

Der Neptunismus war die Leitidee an der Wende zum 19. Jahrhundert und war vorrangig in den Kampf mit den Verfechtern der vulkanischen Basaltentstehung verwickelt. Die vulkanische Deutung der Basalte war schon von Guettard 1751 und Desmaret 1763 vorgeschlagen worden. Bereits zu Lebzeiten Werners begannen sich einige seiner Schüler von der Lehre der wäßrigen Basaltentstehung loszusagen, nachdem sie sich im Gelände von deren Unhaltbarkeit überzeugt hatten. Allerdings blieben viele von ihnen durchaus „Neptunisten", da sie nach wie vor die Bildung der ursprünglichen Gesteine auf einen heißen Urozean zurückführten. Die Entstehung der Granite und verwandter Gesteine aus dem Schmelzfluß war hingegen die These der Plutonisten, und ihr prominentester Vertreter James Hutton.

In England verhinderte vor allem Robert Jameson (1774-1854), ein Schüler Werners, den frühzeitigen Erfolg der plutonischen Deutung. Seit 1804 Professor für Mineralogie in Edinburgh, gründete er 1808 die Wernerian Natural History Society, aus deren Mitte scharfe Angriffe auf Hutton und Playfair gerichtet wurden. Letztlich haben diese Aktivitäten dem Ansehen Werners in England geschadet (VON ENGELHARDT 1982). Der Konflikt zwischen Neptunis-

Hutton – ein Atheist?

Als Hutton sein Abstract 1785 vor der Royal Society las, traf er auf ein Auditorium, das seinen Gedanken eher skeptisch bis feindlich gegenüberstand. Geologisches Theoretisieren oder Philosophieren war nicht sehr angesehen, es hat den Beigeschmack des Unnützen und Zersetzenden. George Toulmin[8], dessen Aussagen zur Erdvergangenheit verblüffende Ähnlichkeiten zu Huttons Sicht aufweisen, war offen als Atheist bezeichnet worden. Huttons deistische Position konnte diesen Eindruck nicht verwischen und wirkte aufgesetzt. Vielleicht ist so das Fehlen Huttons bei der ersten Lesung aus gesundheitlichen Gründen erklärlich.

Um den theologischen Einwänden gegen seine *Theory* zu begegnen, schrieb Hutton ein Vorwort, das ihn vom Verdacht der Gottlosigkeit entlasten sollte.[9] Seinem Freund William Robertson (1721-1793), der sich am stärksten für die Gründung der Royal Society of Edinburgh eingesetzt hatte, schickte er das Vorwort zur Durchsicht. Robertson erkannte, daß Huttons Version mehr schaden als nutzen würde und verfaßte eine stilistisch weitaus gelungenere Einleitung. Im Schreiben an Hutton schlug er jedoch vor, die Theory besser ohne ein derartiges Vorwort zu publizieren; diesem Rat ist Hutton gefolgt (DEAN 1992, S. 21-24).

Trotz der von Hutton immerfort betonten finalen Kausalität, die es der persönlichen Präferenz überließ, ob die Erdmaschine nun dank der Weisheit der Natur oder eines Schöpfergottes funktionierte, wurde die *Theory* von christlicher Seite angegriffen. Die bekanntesten Kritiker waren der Chemiker und Mineraloge Richard Kirwan (1733-1812) und der angesehene Naturforscher Jean André De Luc (1727-1817).[10] Im christlichen Weltbild hat die Erde einen klar definierten Anfang und strebt einem unentrinnbaren Ende entgegen. Menschen und Tiere, aber auch die anorganische Natur, sind kurzfristige Erscheinungen. Hutton spricht unverbindlich von der Weisheit des Schöpfers und Erhalters. Eine Natur, die zwar nach den weisen Gesetzen des Schöpfers funktioniert, doch Gott an einen unbestimmten Anfang schiebt, ist letztlich eben diesen Gesetzen unterworfen. Gott greift nicht mehr ein. Wenn die Mechanismen schon seit Ewigkeiten wirken und keine Gründe gefunden werden, warum es in Zukunft anders sein sollte, erübrigt sich die Notwendigkeit einer baldigen Erlösung. Ohne Zweifel befreit diese Sichtweise von einer Autorität, d.h. auch die staatliche, feudale oder kirchliche Autorität gerät ins Wanken.

Nicht nur für die Vertreter der Kirche mußte solch eine Theorie einen Angriff auf die gesellschaftliche Ordnung darstellen. Im Zeitalter der Französischen Revolution waren freidenkerisches oder atheistisches Gedankengut gefährlich. Hutton konnte die Kritik mit dem Hinweis, daß Schöpfung und Ende der Welt einem anderen Bereich zuzuordnen seien, den er ja nicht ausschließe, nur ungenügend abwehren.

Hutton – der Deist

Während die Geologen das philosophische Beiwerk in Huttons Theory schlicht ignoriert haben, wurde es von den Historikern überbewertet (O'ROURKE 1978). Hutton gründete auf den Anschauungen der Empiriker des 18. Jahrhunderts (Locke, Berkeley, Hume), von dieser Warte aus betrieb er Geologie. Dabei geriet er in doppelten Konflikt: Aus gegenwärtigen Prozessen konsequent auf die Vergangenheit zu schließen, war neu. Die meisten Geologen seiner Zeit gingen entweder vom Genesisbericht der Bibel oder einer umfassenden Kosmogonie aus. Anhaltspunkte waren neben heute beobachtbaren Phänomenen auch die nicht mehr hinterfragbaren Aussagen der Bibel oder die mit der Bibel für verträglich erklärten Vorstellungen, wie beispielsweise wassergefüllte Kavernen im Untergrund oder ein irdisches Zentralfeuer.

Die empirische Methodik Huttons, auf schriftliche Überlieferungen oder damit korrespondierende Lehrmeinungen zu verzichten, war also an sich eine Neuerung. Hinzu kam, daß sie auch zu neuartigen geologischen Beobachtungen führte; ein Beispiel ist die Feststellung, daß kein Gestein erkennbare Merkmale aufweist, die es als ursprünglich (Schöpfung) erscheinen lassen. Für Hutton hätte dies bedeutet, zwischen zwei Fronten zu geraten, nämlich in der einen Richtung seine Vorgehensweise und in der anderen seine geologischen Folgerungen zu verteidigen. So lag es nahe, die empirische Methode durch die Teleologie zu ersetzen, um wenigstens den geologischen Teil zu retten. BAILEY (1967) sieht deshalb den „Design" nur aufgesetzt, ähnlich äußert sich O'ROURKE (1978).

Andererseits ist nicht zu übersehen, daß schon in Huttons medizinischer Dissertation eine klare deistische Position verankert liegt (TOMKEIEFF 1948, ELLENBERGER 1972,1973). In seinem weiteren Lebenslauf ist kein Ereignis auszumachen, das man als einen Bruch mit dem Deismus werten könnte. Da die Notizen Huttons größtenteils verschwunden sind, wird sich vermutlich niemals klären lassen, was seine innerste philosophische und religiöse Überzeugung war.

mus und Plutonismus war der erste große Kampf zwischen zwei geologischen Leittheorien. So manche bis zum heutigen Tag sich anschließende Kontroverse kann anhand der den beiden Leittheorien zugrundeliegenden Vorstellungen und Methoden gedeutet werden. So diskutiert WEGMANN (1958) die Granit-Kontroverse in den 50er Jahren vor dem Hintergrund des „Erbes Werners und Huttons".

Paläontologie und Evolution

Bei Hutton bilden organische und anorganische Materie zusammen ein lebendes Ganzes, das sich vollständig ergänzt und sich gegenseitig bedingt. Wo bleibt dann aber die Evolution? Sie hat in dieser Philosophie keinen Platz. Obgleich evolutionäre Deutungen im Verlauf des 18. Jahrhunderts zunehmend das Denken der Forscher bestimmten, mußte Hutton so konsequent sein und sie ausschließen. Da seine Erdmaschine dem Zweck dient, Leben auf der Erde zu ermöglichen und zu erhalten, und diese Maschine schon seit ewigen Zeiten läuft, gibt es keine primitiven Anfänge des Lebens und keine „Höherentwicklung". Selbstverständlich sind damit auch degenerative Prozesse ausgeschlossen. Das Problem des Alterns umgeht Hutton elegant, indem er auf den Fortbestand des Lebens an sich verweist. Hier sei vermerkt, daß er mit dem evolutionistisch orientierten Erasmus Darwin, dem Großvater Charles Darwins, befreundet war. Im nicht veröffentlichten Werk zur Landwirtschaft, an dem Hutton um 1796 arbeitete, findet sich jedoch ein interessanter Abschnitt, in dem er vom Verschwinden schlecht angepaßter Arten und dem Fortbestehen der besser angepaßten spricht. Die Anpassung der „Varietäten" einer „Spezies" an die jeweiligen Erfordernisse sei ein fortlaufender Prozeß.

Trotzdem bleibt festzuhalten, daß Hutton in seiner *Theory* gebunden bleibt. Das geregelte Auftreten der Fossilien in den Gesteinen, die Anzeichen des Wandels und der Geschichtlichkeit sieht er nicht oder sie interessieren ihn nicht.[11] Und auch sein mutmaßlicher Gegner A.G. Werner wußte mit den Fossilien wenig anzufangen. Beide Forscherpersönlichkeiten, deren antagonistischen Konzeptionen den Startpunkt der modernen Geologie markieren, haben die in den Fossilien dokumentierte Lebensgeschichte und im weiteren die Fragen der biologischen Evolution so gut wie nicht berührt.

Huttons Verständnis von Materie und Wärme

Was führte Hutton zum Plutonismus? Waren es die zahlreichen Geländebeobachtungen, die eine nichtsedimentäre Deutung erzwangen? Gründete seine *Theory* auf Literaturstudien oder Experimenten? GOULD (1992) verweist auf die verblüffende Ehrlichkeit Huttons: Zu dem Zeitpunkt als er seine Deutung vortrug, hatte er Granit nach eigener Aussage nur an ein oder zwei unbedeutenden Stellen wahrgenommen. Erst danach begann er die Entstehung der Granite aus dem Schmelzfluß und ihr Zusammenspiel mit den Ablagerungsgesteinen systematisch zu erforschen.

Ein umfassendes Werk zur Physik kann helfen, Huttons Intention besser zu erkennen und zu erklären, was genau er im Gelände suchte. Die Basis bildet der unendliche Kreislauf von Abtragung bis hin zur Entstehung der neuen, den Naturkräften exponierten Landschaft. Diese Anschauung, die bei Hutton schon in der Doktorarbeit zum Blutkreislauf entwickelt war, fand in den jahreszeitlichen Rhythmen, denen die Landwirschaft unterworfen ist, ihre Bestätigung. Wenn nun aber ständig fruchtbarer Boden weggeschwemmt wird, muß alles auf ein (böses) Ende hinlaufen. Welche Prozesse sichern uns nun den Erhalt der Erde, die doch in so wundervoller Weise für die Menschen und Tiere gestaltet ist? Gesucht war also die restaurative, landhebende Kraft. Sie folgt aus Huttons materieller Theorie der Wärme (GERSTNER 1968, OLDROYD 1971).

Hutton erklärt die Materie aus einem Wechselspiel anziehender und abstoßender Kräfte. Die anziehenden oder gravitativen Kräfte bewirken die Verfestigung der lockeren Ablagerungen, die sich

am Meeresgrund sammeln. Durch die Auflast weiterer Massen rücken sie enger zusammen, sie werden komprimiert. Ist das lose Material zu festem Gestein umgewandelt, ändern sich die kontrollierenden Kräfte, die Abstoßung beginnt zu wirken (die abstoßenden Kräfte haben ihre Ursache in einer *solar substance*). Die Folge ist eine Volumenzunahme, die speziell auf der Wirkung der spezifischen Wärme beruhen soll. Mit der Ausdehnung der Materie beginnt das Land sich zu heben.

Diese Theorie der Wärme unterschied sich grundlegend von allen bis dahin in der Geologie gehegten Vorstellungen, wonach in der Erde entweder ein zentrales Feuer brannte oder der Vulkanismus durch sich entzündende Kohlenlager erklärt wurde. Huttons Theorie der Wärme hatte nichts mit dem Feuer und der Verbrennung zu tun. Die Kritik, die Hutton von seinen Zeitgenossen erfuhr, entzündete sich hauptsächlich an diesen Fragen. Außerdem wird deutlich, warum Hutton die Basalte so kategorisch in extrusive (ausgeflossene) und intrusive trennte und damit die erloschenen Vulkane vor seiner Haustür nicht erkannte: Sie waren nach seiner Auffassung Intrusionen, nichteruptierte Laven, die entstanden, als die abstoßenden Kräfte überwogen, und waren damit Zeugen der Landhebung. Eine weitere Stütze bildeten die Feuersteine (Flint). Wegen ihrer Härte und scheinbaren Unlöslichkeit in reinem Wasser sah Hutton sie als Produkte vollständigen Schmelzens an (Abb. 4). Folglich waren auch die Kalkfelsen, in denen sie auftreten, durch die unterirdische Wärme konsolidiert worden.

Differenziertes Bild von Hutton

Es spricht alles dafür, daß Huttons Geologie nur unter Einbeziehung seiner weiteren physikalischen und naturphilosophisch-metaphysischen Vorstellungen zu verstehen ist.[12] In seinen *Dissertations* stellt er philosophische Betrachtungen über das Wie und Was menschlichen Erkennens an, die Rückschlüsse auf seine Methodik erlauben (näheres siehe O'Rourke 1978). Die auf den heutigen Betrachter bezogene Wahrnehmungsfähigkeit und die Annahme der Gültigkeit heutiger Prinzipien zu allen Zeiten verlangte bei der Deutung der Erdvergangenheit nach einem Opfer: Aufgegeben werden mußte die Geschichtlichkeit, der Zeitpfeil (Gould 1992). Diskordanzen bewiesen zwar das zeitliche Nacheinander, aus ihnen ließ sich aber – bei konsequenter Anwendung von Huttons Vorstellungen – keine komplette Folge zusammenstellen, so wie etwa unsere heutige geologische Zeittafel. Der immerwährende Zyklus von der Abtragung bis zur Landhebung erfaßte ja auch die früher einmal gebildeten Gesteine, so daß sich nirgendwo eine vollständige chronologische Gesteinsserie akkumulieren konnte.

Hutton äußerte sich nur wenig über die Zeiträume an sich. Die Abtragung der Landoberfläche

Abb. 4: Feuersteinlage in den Kreidefelsen der englischen Kanalküste bei Peacehaven (nahe Brighton). Für Hutton und viele seiner Zeitgenossen galten die Feuersteine als vulkanische Bildungen. Hutton wertete sie als Beweis für die Verfestigung der kalkigen Ablagerungen durch Hitze.

erfolgt so langsam, daß sie weit außerhalb des menschlichen Beobachtungshorizontes liegt. Somit macht Hutton auch keinen Vorschlag, wie man vergangene Zeiträume „messen" könnte; dies widerspräche ja gerade seiner nichtchronologischen Arbeitsweise. Zeit ist für ihn ein Konzept, auf sie wird aus den Geschwindigkeiten heutiger Naturprozesse geschlossen.[13] Waren diese immer wirksam und finden wir kein Anzeichen eines Anfangs, wovon er sich bei der Untersuchung der Gesteine im Gelände überzeugte, haben wir kein Indiz dafür, daß früher irgendwelche anderen Prozesse wirksam waren.[14]

> Huttons Geologie ist nur unter Einbeziehung seiner physikalischen und naturphilosophisch-metaphysischen Vorstellungen zu verstehen.

James Hutton ist ein Symbol für den Wandel der Wissenschaften im 18. Jahrhundert. Teils im Denken vergangener Jahrhunderte verhaftet, teils dem wissenschaftlichen Fortschritt verpflichtet, markiert er Umbruch und Aufbruch in neue, ungeahnte Welten, in die Vergangenheit der Erde. Für McIntyre (1963) war Hutton für die Geologie das gleiche wie Newton für die Astronomie und Darwin für die Biologie, indem er eine übergeordnete Theorie aufstellte, „something seen in the mind". Für Hutton funktionierte die Erde wie ein lebendiger Organismus, in dem sich Kommen und Gehen seit Ewigkeiten ablösen, ohne daß etwas für immer zerstört wird, es wird nur umgestaltet.

Die spätere Würdigung Huttons zeigt, wie schwer sich eine weiterentwickelnde Disziplin wie die Geologie tut, wenn sie sich auf die Suche nach ihrer Identität begibt. Die Prämissen und Folgerungen von Hutton sind klar definiert und für jeden Interessierten nachlesbar. Wenn Huttons geschichtsfeindliche Naturauffassung ihn fast als Anti-Geologen erscheinen läßt, warum hat man gerade ihn als „Begründer" der Geologie erwählt? Wie kam es zum Hutton-Mythos? Der wichtigste Grund war sicherlich, daß sich die von ihm vertretenen plutonischen Deutungen als die richtigen erwiesen. Geschichte wird nun einmal vom „Sieger" geschrieben oder verlangt ihre Helden oder Siegertypen (Gould

1992). Das Wirken Playfairs, der mit den *Illustrations* und dem biografischen Bericht verhinderte, daß Hutton in Vergessenheit geriet, ist ebenso hervorzuheben wie Lyells Bezug auf Hutton. Schließlich mag eine Portion Nationalbewußtsein in die Geschichtsschreibung von Hutton über Lyell bis Geikie (1897) eingeflossen sein: Die Begründung der Kosmologie (Newton), der Geologie (Hutton, Lyell) und der Evolutionslehre (Darwin) gingen damit maßgeblich von der „Insel" aus.[15]

Hutton war sehr aktiv, vielseitig interessiert und belesen. Auffallend ist, daß er trotz seines hochkarätigen intellektuellen Umfeldes seltsam unflexibel wirkt: die einmal in der Jugend adaptierte ahistorische Naturphilosophie zieht sich wie ein dicker roter Faden durch all seine Werke. Ohne Zweifel wirkt sein Weltbild geschlossen, beruhigend und hat etwas Beständiges. Wenn alles nur im Kommen und Gehen ist, nichts wirklich neu geschaffen und vernichtet wird, so ist in der Erde und auch in der menschlichen Existenz die Ewigkeit verankert. Diese anthropozentrische Vorstellung, die in der Erklärung der Erhaltung einer bewohnbaren Welt ihre Rechtfertigung findet, hat die Wissenschaft nach Hutton endgültig aufgegeben. Dies nennt GOULD (1986) einen Verlust. Doch gebührt James Hutton das Schlußwort:

„Wenn wir die Teile, aus denen sich dieses terrestrische System zusammensetzt, zurückverfolgen, und wenn wir die allgemeine Verbindung dieser Einzelteile betrachten, zeigt sich das Ganze als eine Maschine mit einem eigenartigen Aufbau, durch den sie einem bestimmten Zweck angepaßt ist. Wir werden eines Gefüges gewahr, erschaffen mit Weisheit zu einem Zweck würdig der Macht, die in seiner Herstellung offenbar wird." (zitiert nach GOULD 1986, S. 88)

Dank: Manfred STEPHAN und Dr. Reinhard JUNKER danke ich ganz herzlich für die Durchsicht des Manuskripts und wertvolle Anregungen. Ebenso danke ich den Mitarbeitern der Bereichsbibliothek Chemie der Universität Göttingen für ihre freundliche Hilfe bei der Literatursuche.

Anmerkungen

1 Auch wenn die Sintflut nun nicht mehr in der Gesteinsfolge ausgegrenzt werden konnte, verblieb als Kompromiß zwischen Religion und Wissenschaft die geologische Kataklysmenlehre oder der Katastrophismus. Danach gab es in der Erdgeschichte wiederholt tiefgreifende Umgestaltungen, von denen auch die Fauna betroffen war. Eine Art Neuschöpfung im Anschluß an eine geologische Revolution war immerhin denkbar. Der französische Anatom George Cuvier (1769-1832) interpretierte den Wechsel im Fossilinhalt der Gesteine durch Einwanderungen von Lebewesen in von geologischen Katastrophen verwüstete Landschaften. Sein Landsmann Alcide d'Orbigny (1802-1857) ging weiter: er unterteilte die Erdgeschichte in 29 Abschnitte, in denen das Leben jeweils völlig vernichtet und anschließend neu erschaffen wurde (HÖLDER 1960, S. 377-378, 477). Geologischer Katastrophismus, durch die Konzeption Huttons und das Wirken Lyells an den Rand gedrängt, hat in der zweiten Hälfte des 20. Jahrhunderts wieder Einlaß ins geologische Denken gefunden.

2 Huttons Tagesablauf verlief, sofern er sich nicht auf Exkursion befand, geregelt. Er stand spät auf und verbrachte den Tag mit Lesen und Schreiben. Das Abendessen nahm er früh ein, anschließend ging er längere Zeit spazieren oder setzte seine Studien fort. Er aß mäßig und trank zum Essen keinen Wein. Den Abend verbrachte er dann im Kreis seiner Freunde; durch seine Aufgeschlossenheit war er ein gern gesehener Gast. Huttons äußere Erscheinung war Anlaß zu mehreren Karikaturen. Schlicht gekleidet wirkte er wie ein Quäker, worin ihm Black nicht viel nachstand. Beide paßten sich den modischen Veränderungen ihrer Zeit nicht an.

3 Auf die Existenz einer kurzen Zusammenfassung ließ u.a. eine Erwähnung durch Desmaret im Jahr 1794 schließen; sie galt aber als verschollen. Im Jahr 1947 wurde dann eine erste Fassung entdeckt und inzwischen sind 7 Exemplare bekannt. BAILEY (1967) bezweifelte die Autorenschaft Huttons; für ihn enthielt die Fassung zwar die Geologie Huttons, doch sprach daraus die Stimme Playfairs. Doch gilt es heute als sicher, daß Hutton der Autor war.

4 Dem dritten oder einem mutmaßlichen vierten Band sollten eine Reihe geologischer Skizzen beigefügt werden. Playfair bezieht sich auf diese Abb.en. Später waren sie verschwunden und wurden erst 1968 unter den Papieren der Clerks of Penicuik wiederentdeckt. Das Manuskript des dritten Bandes gelangte über Playfair an Lord Seymour, der kurze Zeit nach Playfair starb. Danach war es im Besitz von Leonard Horner, dem Schwiegervater Charles Lyells, der es 1856 der Geological Society of London übergab. Offenbar wurde es mehrere Jahrzehnte lang übersehen. In einem Beitrag der Zeitschrift *Nature* im Jahr 1895 wurde die Wiederentdeckung bekanntgegeben. Schließlich wurde der dritte Band veröffentlicht, und zwar von Archibald Geikie im Jahr 1899.

5 Lyell gibt in einem Brief an Fitton (1839) an, von Huttons Arbeiten höchstens die Hälfte gelesen zu haben (TOMKEIEFF 1948).

6 Eine Beitrag über Charles Lyell ist anläßlich seines 200. Geburtstages in Vorbereitung.

7 Neptunistische Erdtheorien finden sich bei den meisten Naturforschern des 18. Jahrhunderts. In Frankreich legten Gautier, Buffon und De Maillet, in Deutschland Lehmann 1756 und Füchsel 1773 die Grundlage; Werner wurde ihr konsequentester Vertreter (VON ENGELHARDT 1982).

8 Von Toulmin erschienen zwischen 1780 und 1789 vier Bücher – mit verschiedenen Titeln, aber im wesentlichen gleichen Inhaltes – in denen er sich gleich Aristoteles für eine ewige Welt aussprach und die Chronologie des Alten Testamentes ablehnte. Auf Toulmin als einen möglichen Vorläufer von Huttons Gedanken weisen TOMKEIEFF (1948) und MCINTYRE (1963) hin. DAVIES (1967) gibt dagegen zu bedenken, daß Toulmin kein nachhaltiges Interesse für die Geologie entwickelt hat. Als Medizinstudent in Edinburgh zwischen 1776 und 1779 könnte er Blacks Vorlesungen

verfolgt und möglicherweise ein Manuskript Huttons gelesen haben. Da Hutton keine Anstalten machte, seine Arbeit zu veröffentlichen, sah Toulmin hier vielleicht einen Weg, zu Ruhm zu gelangen. Für DAVIES (1967) handelt es sich um einen Fall von Plagiat.

9 Hutton spricht sich für die Trennung der Bereiche Religion und Wissenschaft aus. Seine Formulierungen lassen wenig Zweifel, daß er menschlichem (wissenschaftlichem) Erkennen den Vorzug gibt. Für die Menschheitsgeschichte akzeptiert er die biblische Chronologie. Die von ihm in den Gesteinen wahrgenommenen Prozesse fallen in die gewaltigen Zeiträume vor der menschlichen Existenz. Hutton verteidigt sich wie folgt: „Die mosaische Erzählung von der Schöpfung ist ein kurzer Bericht über die Ordnung, in der die Dinge geschaffen wurden. Sie enthält keine chronologische Beschreibung über den Anfang der Dinge, auch keine, die man auf unser Zeitmaß von Tagen oder Jahren anwenden könnte. Dies wird deutlich, wenn man die Sonne, nach der wir unsere Zeit messen, betrachtet. Sie tritt nicht vor der vierten Periode der Schöpfung auf und es wäre unvernünftig, oder ebensogut absurd, würde der Begriff 'Tag', mit dem jede dieser Perioden in der jüdischen Erzählung ausgedrückt ist, anders zu verstehen sein als eine unbestimmte Zeitperiode oder anderes anzeigen als eine gewisse Ordnung, in der Gott alle Dinge geschaffen hat" (übersetzt aus DEAN 1992, S. 21).

10 Auch wenn der Kritik an Hutton vorrangig religiöse Motive unterstellt werden, so waren die Einwände Kirwans und De Lucs doch wissenschaftlicher Art (im Gegensatz zu Hutton machte Kirwan nur wenige religiöse Äußerungen; seine Rolle im Konflikt mit Hutton wurde später von Playfair sehr negativ dargestellt). Kirwan konnte sich mit der Ursache der Wärme, die die Landhebung bewirken sollte, nicht anfreunden. Für Hutton bedeutete gerade dieser Teil sehr viel, so daß er auf Kirwans Kritik überraschend heftig und verbittert reagierte (BAILEY 1967). De Luc war mit den fluviatilen Vorstellungen Huttons nicht einverstanden. Wenn die Flüsse in unermeßlichen Zeiträumen die Täler ausgraben, wie sind dann viele der Alpenseen zu erklären? Sie müßten längst mit Abtragungsmaterial überfüllt sein. Ihr heutiger Zustand wäre nur zu erklären, wenn sie entweder jung sind oder die Auffüllung mit Abtragungsprodukten, d.h. die Abtragung selbst, unbedeutend ist. Hutton konnte kein schlagkräftiges Argument dagegen anführen. Ein Vorschlag von ihm war die Entstehung infolge von Erdbeben, wodurch er dem geologischen Katastrophismus verdächtig naherückte (DAVIES 1969).

11 In einem Brief an Thomas Hope beklagt sich James Burnett (Lord Monboddo) über Huttons Haltung zur Geschichte. Er habe überhaupt kein historisches Vertrauen und lehne die Gültigkeit aller alten Überlieferungen ab (DEAN 1992, S.4).

12 Gleichzeitig mag hierin die Erklärung für die Probleme liegen, die seine Zeitgenossen und folgende Generationen mit seiner *Theory* hatten. Das Stigma, nur schwer verständlich zu sein, die Langatmigkeit und Umständlichkeit seiner Beweisführung und die vielfältigen Wiederholungen, sind nicht Ausdruck einer erst noch zu entwickelnden „geologischen Sprache". Sie erklären sich aus dem ganzheitlichen Ansatz Huttons, die Geologie in die Regeln und Gesetze kosmischer und physikalischer Vorgänge einzubinden.

13 In der Geologie werden heute immense Zeiträume angenommen, allerdings ist der Ursprung des Planeten bei etwa 4,5 Milliarden Jahren fixiert. Folglich gibt es Zeichen eines Anfangs; ebenso läßt sich vorhersagen, daß unser Planet eines fernen Tages nicht mehr bewohnt sein wird. Aussagen über Anfang und Ende werden von den Forschern gemacht, die Erdvergangenheit wird zudem chronologisch geordnet. Wenn Hutton also als Entdecker der Tiefenzeit gefeiert wird, so muß hinzugefügt werden, daß seine Vorstellung von Zeit – am besten charakterisiert als ewig währende Gegenwart (VON ENGELHARDT 1982) – eine andere war als die heute geläufige.

14 Hierzu Hutton: „Wir brauchen nicht anzunehmen, daß es irgendeine gewaltsame Steigerung von Kräften gab, so wie sie erforderlich wäre, um ein großes Ereignis in kurzer Zeit zu erzeugen; in der Natur haben wir hinsichtlich der Zeit keinen Mangel" (übersetzt aus BAILEY 1967, S. 50).

15 Der Linie Hutton – Lyell – Geikie als Begründer der Geologie und deren Geschichtsschreibung, ließen sich für Mitteleuropa von Hoff – Werner – von Buch – von Zittel (1899; Geschichte der Geologie und Paläontologie. Oldenbourg, München) gegenüberstellen. Ohne Zweifel kommt die aktualistische Sichtweise von Hoffs dem heute in der Geologie vorherrschenden Verständnis von Uniformitarismus am nächsten. In dieser Kette wurde jedoch der Neptunist Werner als das schwache Glied ausgemacht.

Literatur

BAILEY EB (1967) James Hutton – the founder of modern geology. Elsevier, Amsterdam.

BLEI W (1981) Erkenntniswege zur Erd- und Lebensgeschichte. Akademie-Verlag, Berlin.

CRAIG GY, MCINTYRE DB & WATERSTON CD (1978) James Hutton's Theory of the earth: The lost drawings. Scottish Academic Press.

DAVIES GL (1967) George Hoggart Toulmin and the Huttonian Theory of the earth. Geol. Soc. Amer. Bull. *78*, 121-123.

DAVIES GL (1969) The earth in decay. A history of British geomorphology 1578-1878. Macdonald, London.

DEAN DR (1992) James Hutton and the history of geology. Cornell University Press, Ithaca.

ELLENBERGER F (1972) La métaphysique de James Hutton (1726-1797) et le drame écologique du XXe siècle. Revue de Synthèse *93*, 267-283.

ELLENBERGER F (1973) La thése de doctorat de James Hutton et la rénovation perpétuelle du monde. Ann. Guébhard *49*, 497-533.

ENGELHARDT W VON (1982) Neptunismus und Plutonismus. Fortschr. Miner. *60*, 21-43.

GEIKIE A (1897) The founders of geology. Macmillan, London.

GERSTNER PA (1968) James Hutton's Theory of the earth and his Theory of matter. Isis *59*, 26-31.

GOULD SJ (1986) Wie das Zebra zu seinen Streifen kommt: Essays zur Naturgeschichte. Birkhäuser Verlag, Basel, S. 77-91.

GOULD SJ (1992) Die Entdeckung der Tiefenzeit. München.

HÖLDER H (1960) Geologie und Paläontologie in Texten und ihrer Geschichte. Karl Alber, Freiburg – München.

HUTTON J (1785) Abstract of a dissertation read in the Royal

Society of Edinburgh, upon the seventh of march, and fourth of april, 1785, concerning the system of the earth, its duration, and stability. Facsimile-Ausgabe.
LYELL C (1830) Principles of geology. Band 1. Facsimile-Ausgabe mit einem Vorwort von MJS Rudwick. University of Chicago, 1990.
MCINTYRE DB (1963) James Hutton and the philosophy of geology. In: ALBRITTON CC (ed) The fabric of geology. Freeman, Cooper & Company, Stanford, S. 1-11.
OLDROYD DR (1971) The vulcanist-neptunist dispute reconsidered. J. Geol. Education *19*, 124-129.
O'ROURKE JE (1978) A comparison of James Hutton's Principles of Knowledge and Theory of the Earth. Isis *69*, 5-20.
PLAYFAIR J (1802) Illustrations of the Huttonian Theory of the earth. Facsimile-Ausgabe mit einer Einführung von GW White, University of Illinois Press, Urbana, 1956.
TOMKEIEFF SI (1948) James Hutton and the philosophy of geology. Trans. Edin. Geol. Soc. II, *14*, 253-276.
WEGMANN E (1958) Das Erbe Werners und Huttons. Geologie *7*, 531-559.

KURZBEITRÄGE

Vorläufige Bewertung der Diskussion über mögliche Lebensformen auf dem Mars

Am 6. August 1996 gab die NASA bekannt, daß ein Wissenschaftler-Team starke Hinweise auf mögliche primitive Lebensformen gefunden habe, die vor rund 4 Milliarden Jahren auf Mars existiert haben könnten. Die Hinweise stammen von einem Meteoriten, der 1984 in der Antarktis gefunden wurde (MCKAY et al. 1996).

Der Stein. Obwohl bislang noch keine Proben vom Mars durch Sonden zurückgeführt wurden, besitzen wir möglicherweise Mars-Material in verschiedenen Labors. Die kürzlich publizierten Indizien dafür gehen auf den Meteoriten ALH84001 zurück, der im Allen-Hills-Eisfeld 1984 gefunden wurde (Abb. 1). Seine mögliche Mars-Abstammung blieb bis 1993 unbemerkt. ALH84001 ist einer von 12 Meteoriten, die vermutlich vom Mars stammen. Diese Verbindung wird von Messungen der beiden Viking-Sonden abgeleitet, die 1976 auf dem Mars landeten (s. u.).

ALH84001 wurde von Roberta SCORE zufällig gefunden, als mein früherer Vorgesetzter in den USA, Prof. Robert WALKER vom Center for Space Sciences der Washington University in St. Louis, mit einem Team von Wissenschaftlern mit dem Snowmobil unterwegs war. Über 10.000 Meteorite sind seit 1969 in dem Gebiet der Antarktis gefunden worden.

Abb. 1: Gesamtansicht des etwa vier Pfund schweren Meteoriten ALH84001, wie er 1984 auf dem Allen-Hill-Eisfeld von Roberta Score gefunden wurde. Ermittelte Daten:
• angegebenes Alter der Probe: 3,6 Milliarden Jahre
• abgeschätztes Datum des Impaktvorgangs auf Mars: vor 16 Millionen Jahren
• soll vor 12.000 Jahren im Eis der Antarktis angekommen sein

Das Alter des Steins wird mit 4,5 Milliarden Jahren und sein mutmaßlich biogenes Innenleben mit 3,6 Milliarden Jahren angegeben. Der Stein soll aus einer Periode auf dem Mars stammen, als dieser wärmer war, eine Atmosphäre besessen haben soll und als auf ihm Wasser floß.

Die Untersuchungen. David MCKAY vom Johnson Space Center in Houston bekam 1994 eine Zwei-Gramm-Probe. Über 100 anderen Gruppen lagen ebenfalls Teile des Meteoriten vor. Sechs Monate lang wurde nach möglichen Lebensspuren geforscht und nichts gefunden. Erst die neuere Entdeckung von sog. Nano-Bakterien in grundwasserführenden Schichten in Süditalien veranlaßte die Wissenschaftler um MCKAY, nach noch kleineren Strukturen zu suchen. Mit einem Transmissions-Elektronenmikroskop konnten sie Spuren von Karbonatknöllchen, Magnetit und Puritit feststellen. Die Größe und Zusammensetzung der Komponenten sei vergleichbar mit dem, was man auf der Erde von Bakterien kennt. Dem Team standen hochauflösende Elektronenmikroskope zur Verfügung, die gegenüber früheren Geräten eine ca. 5fache Leistungssteigerung boten. Erst eine in den letzten Jahren entwickelte Microscopic Two-Step Laser Microscopy mit einer extrem hohen Sensitivität erlaubte es, kleinste Spuren organischer Stoffe nachzuweisen. Diese Technik eignete sich besonders für den Nachweis polyzyklischer aromatischer Kohlenwasserstoffe (PAK), die normalerweise als

Stud. Int. J. 4 (1997), 32 – 34

Nebenprodukte organischer Aktivität angesehen werden. Gerade der Nachweis geringster Spuren von Stoffen war entscheidend, ging es doch darum, Strukturen zu untersuchen, die kleiner waren als 500 nm oder etwa 1/500stel der Dicke eines menschlichen Haares.

Als dem Team bewußt wurde, welche möglichen Implikationen ihre Untersuchungen haben könnten, unterbrach es die Kommunikation nach draußen, um erst möglichst viele Evidenzen zu sichern. Als die Arbeit für die Veröffentlichung aufgearbeitet war, verbreitete sich bei der NASA schnell diese überraschende Nachricht, es gab aber auch Skepsis, ob der Artikel das Peer Review überstehen werde und Akzeptanz finden würde, was denn auch erst im zweiten Anlauf gelang.

Die Ergebnisse. Am 7. August 1996 trat der NASA-Chef Daniel GOLDIN vor die Presse. Neben der Tatsache der bislang besten Evidenzen für mögliche außerirdische Lebensspuren, betonte er folgende Aspekte: „The results are not conclusive – there was no scientific consensus on the findings – they were just opening the door on this and it was up to the world scientific community to substantiate or refute the research team's findings."

David MCKAY erklärte vier unterschiedliche Argumentationslinien und betonte, daß jede in verschiedener Weise interpretierbar sei. Dabei erwähnte er, daß eine naheliegende Interpretation der Hinweis auf biologische Aktivität sei. Hier seine Indizienkette:

- *Der Meteorit kam vom Mars.* Der Fund lag mitten im Eis der Antarktis und muß deshalb zumindest von außen gekommen sein. Merkur liegt tief im Potentialtopf der Sonnenanziehungskraft und Venus hat eine hohe Fluchtgeschwindigkeit und eine dichte Atmosphäre; Mars ist als Herkunftsort nicht unwahrscheinlich und die Chemie der Einschlüsse stimmt mit Viking-Messungen auf dem roten Planeten im wesentlichen überein, so die Argumentation. Es könnte aber auch sein, daß besagte PAKs gar nicht mit dem Meteoriten zur Erde gelangt sind. In Eisproben vom Fundort in der Antarktis wurden dieselben PAKs gefunden, die auch in ALH84001 vorkommen. MCKAY und seine Kollegen betonen zwar, daß sie die Moleküle im Inneren der Karbonatknöllchen gesehen haben und nicht an der Oberfläche. Dem steht aber gegenüber, daß der Meteorit rund 12.000 Jahre im Eis gelegen haben soll – eine Zeitspanne also, die für ein Eindringen ausgereicht haben soll.
- *Der Brocken enthält organisches Material.* In einem Aufsatz wird betont, daß trotz einer entsprechenden Fluchtgeschwindigkeit der Erde die Wahrscheinlichkeit gegeben ist, daß organische Komponenten und möglicherweise Bakterien andere Planetenoberflächen über Impaktvorgänge erreicht haben, wenn sie im Innern eines Steins ein wenig gegenüber der harschen Weltraumumgebung geschützt waren (GUTIERREZ 1996). Die Überlebensfähigkeit von Bakterien ist – trotz gewisser Unsicherheiten beim Handling im Labor – durch folgendes drastisch illustriert worden: Obwohl biologische Sterilisation von Landefahrzeugen ein absolutes Muß ist, werden bei der von Apollo 12 rückgeführten Kamera von Surveyor 3 nach drei Jahren des Verbleibs auf dem Mond lebende Mikroorganismen festgestellt (MELOSH 1994).
- *Die Karbonatknöllchen könnten biologischen Ursprungs sein.* Es wird auch die Möglichkeit eines anorganischen Ursprungs erwähnt, der allerdings gewisse Anforderungen erfüllen muß.
- *Der Brocken enthält mikrofossilartige Strukturen* (Abb. 2 und 3).

Abb. 2: Der aufsehenerregende Fund von rund 700 nm langen „Würmchen"

Abb. 3: Schlauchähnliche Form mit der Größe von 1/100 des Durchmessers eines menschlichen Haares. Detaillierte Untersuchungen daran stehen noch aus.

Prof. Richard ZARE von der Stanford University stellt die Argumente in eine simple Folge. Er beschreibt seine Situation so, „daß er etwas wackeln sieht wie eine Ente, es quakt wie eine Ente, deshalb wird es auch eine Ente sein ... Auf alle Fälle ist es interessant." (Bemerkung vom Internet aus „Clues from the Red Planet, Aug. 7th, 1996; in einem weiteren Statement schließt er nicht aus, daß Lebensspuren von der Erde zum Mars kamen und in Form dieses Steines möglicherweise den Weg wieder zurückgefunden haben.)

Die Kritik. William SCHOPF von der University of California in Los Angeles wurde von der NASA als kritisches Nicht-Mitglied bei besagter Pressekonferenz hinzugezogen. Er unterstrich die hohe Qualität der Arbeit und betonte, daß hier keine einfache Wissenschaft betrieben werde. Mit den Worten von Carl SAGAN forderte er:

- außergewöhnliche Behauptungen müssen durch außergewöhnliche Evidenzen belegt werden;

- die Anwesenheit von organischem Material an sich läßt nicht auf einen biogenen Ursprung schließen; PAKs wurden auch in anderen Arten von Meteoriten gefunden;
- das kleinste terrestrische Mikrofossil ist 100 mal größer.

Es tauchte die Frage auf, ob so kleine Gebilde groß genug sind, um alle Erbinformationen unterzubringen und ob sie überhaupt zu einem Stoffwechselprozeß fähig sind.

- Es ist wichtig festzustellen, ob es sich nicht um mineralogische Pseudofossilien handelt, die biologischen gleichen;
- es ist keine Zellwand in der betreffenden Struktur nachgewiesen worden;
- wurden die Karbonatanteile bei niederer oder hoher Temperatur gebildet?

HARVEY & MCSWEEN (1996) diskutieren 650 °C; dann müßte besagte Evidenz als Kontamination betrachtet werden.

Weitere Untersuchungen galten der Struktur der Magnetit-Teilchen, die zusammen mit Eisensulfid die Karbonatkügelchen überziehen. Sie entstehen meist anorganisch, werden auf der Erde aber auch von Bakterien ausgeschieden. Allerdings unterscheiden sie sich in der Struktur. Im Meteoriten sind sie wendeltreppenartig geformt. Diese Form ist bei irdischen Magnetiten selten; bei den von Organismen gebildeten Formen kommt sie überhaupt nicht vor.

Das Team von MCKAY reagierte auf diese Kritik mit der Feststellung der Notwendigkeit weiterer Forschungen. An oberster Stelle steht die Suche nach Zellwänden besagter Mikrofossilien. SCHOPF äußerte zusätzlich den Wunsch nach Evidenzen einer Mikro-Organismenpopulation, deren Chemie deutlich unterschiedlich ist zu dem Material, in dem sie eingebettet ist.

Ausblick. Die Ankündigung von möglichem Leben auf dem Mars hat sowohl in weiten Fachkreisen als auch in der Öffentlichkeit für eine gewisse Aufregung gesorgt. Eine Bestätigung dafür, daß Lebensspuren außerhalb der Erde gefunden wurden, könnte langfristig einen größeren Umschwung im Bewußtsein der Menschheit auslösen, als sie Kopernikus mit seiner Erkenntnis verursachte. Auf der anderen Seite könnte ein negativer Ausgang beim Mars ebenfalls erhebliche Auswirkungen haben. Es könnte bedeuten, daß Leben an ganz besondere Konditionen gebunden ist. In diesem Sinne ist F. TIPLER der exponierteste Vertreter, der das Leben auf unseren Planeten beschränkt sieht. Trotz langjähriger Anstrengungen von SETI (Search for Extra-terrestrial Intelligence), ist die Suche nach extra-terrestrischem Leben bis heute erfolglos geblieben. Aber es ist offensichtlich, daß die ersten möglichen Hinweise auf eventuelles Leben auf dem Mars erst der Anfang einer viel größeren Arbeit ist, die noch bevorsteht.

Norbert Pailer

Literatur

DAY DA (1996) Life on Mars? Spaceflight *38,* 327-330

HARVEY RP & MCSWEEN HY (1996) A possible high-temperature origin for the carbonates in the martian meteorite ALH84001. Nature *382,* 49-51.

MCKAY DS et al. (1996) Search for past life on Mars: Possible relic biogenic activity in Martian meteorite ALH84001, Science *273,* 924.

GUTIERREZ JL (1996) Exploration and preservation of Mars, Spaceflight *38,* 331-333.

MELOSH HJ (1994) The Planetary Report, *15,* N4, p. 16-19.

Aktuelle Ergebnisse der Erkundung des Jupitersystems

1. Voyager-Nachlese: Staubaufenthaltsdauer im Jupiterring war um Faktor 100 zu hoch geschätzt

Der mächtige Staubring des Saturn ist uns seit seiner Entdeckung durch Chr. HUYGENS im Jahre 1659 bekannt. Die Staubringe anderer Gasriesen unseres Planetensystems konnten erst durch in situ-Messungen der Raumsonden *Voyager 1* und *2* eindeutig bestätigt werden. Während um Saturn Gesteinsbrocken von bis zu 10 Metern ihre Kreise ziehen, sind es bei Jupiter Staubkörnchen von typischerweise 10 Mikrometer Durchmesser.

Abb. 1: Erstes Bild des Jupiter-Staubrings durch Voyager: Die Kamera schaut zurück auf Jupiter, dessen Atmosphäre gerade vom Licht der aufgehenden Sonne erreicht wird. Der Blickwinkel erfaßt nur den inneren Teil des Staubrings, der weiter außen eine haarnadelförmige Struktur bildet.

Der in drei Struktureinheiten gegliederte Jupiter-Staubring mit einem Radius von ca. 120.000 Kilometern, was grob dem 20fachen des Erdradius entspricht, ist ein recht zartes Gebilde. Dies wird auch aus Abb. 1 ersichtlich, die von *Voyager* stammt. Seine ganze Materie zusammengepackt ergäbe einen Würfel von 40 Meter Kantenlänge (KASPER 1996).

Genau diese sehr filigrane Struktur gibt den Astrophysikern Rätsel auf, denn die Bahnen von mikroskopisch kleinen Teilchen lassen sich sehr

Stud. Int. J. 4 (1997), 34 – 37

Abb. 2: Durchmesser und Abstände der vier großen Jupitermonde. Bei Jupiter ist der mittlere Abstand zur Sonne angegeben, bei den Monden der Abstand zu Jupiter.

leicht stören. Allein der Strahlungsdruck und elektromagnetische Kräfte in der Magnetosphäre des Jupiter können den Bewegungsablauf der meisten Teilchen in relativ kurzer Zeit so verändern, daß sie aus der Bahn geworfen werden und auf Jupiter zuspiralen.

Der Ring kann also nicht statisch sein. Er benötigt eine ergiebige Staubquelle, vor allem, wenn man die zugrundegelegten großen Zeiträume berücksichtigt. Dafür kommt eigentlich nur der Mechanismus von Impaktvorgängen in Frage. Projektile treffen auf einen größeren Körper, und der bei den Einschlägen erzeugte Auswurf bildet das Material für den Ring. Dabei darf der „größere Körper" nicht zu groß sein (höchstens einige Zehner Kilometer), weil sonst der freigewordene Staub größtenteils gravitativ an ihn gebunden bleibt und für den Ring nicht zur Verfügung steht. Andererseits ist damit auch das Reservoir für den Ring äußerst begrenzt. Tatsächlich wurden durch genauere Analysen am äußeren Rand des Rings zwei kleinere Monde, Adrasthea und Metis, ausgemacht. Damit wäre eine – wenn auch zeitlich limitierte – Quelle gefunden.

Durch ein besseres Verständnis der Wechselwirkungen zwischen den aus den Vulkanschloten des Jupitermondes Io ausgestoßenen Teilchen und deren Aufladeprozeß durch Photoelektronen aus Jupiters Ionosphäre, gelangten die Astronomen zu einer Umdeutung der Entstehung negativ geladener Staubteilchen (Horanyi & Cravens 1996). Legt man diesen Prozeß zugrunde, so ist eine stärkere negative Aufladung zum Inneren der Ringscheibe hin zu erwarten.

Zudem wird der Staub – begünstigt durch die niedrigere Dichte nach außen – von der UV-Strahlung der Sonne zunehmend photoionisiert und positiv geladen. Da also die positive Ladung nach außen zunimmt, resultiert ein positiver radialer Gradient, der die Trajektoren der Teilchen entscheidend beeinflußt. Verfolgt man unter diesen Annahmen die Bahnbewegung der Teilchen, so folgert Kasper weiter, kommt man zu erstaunlichen Ergebnissen: Die Lebensdauer t beträgt in Abhängigkeit von der Größe ca.

$$t = 100\ a^3$$

mit a: Radius in Mikrometern. Für kleine Teilchen bedeutet dies eine Aufenthaltsdauer im Ringsystem von weniger als einem Jahr, während frühere Schätzungen sich auf 100 Jahre und mehr beliefen.

Verschiedene Beobachtungen, wonach der Ring sporadisch eine azimutale Helligkeitsasymmetrie aufweist, stützen die Annahme der kurzen Aufenthaltsdauer der Partikel.

2. Neueste Ergebnisse der Raumsonde Galileo

Neue Einblicke in Jupiters Mondwelt

Noch ungefähr dreieinhalb Jahrhunderte nach ihrer Entdeckung durch Galilei im Jahre 1610 blieben die vier größten Monde des Jupiter in den Teleskopen der Astronomen kleinste Lichtscheibchen, die selbst bei besten Beobachtungsbedingungen kaum etwas von ihren Geheimnissen preisgaben. Abb. 2 zeigt Jupiter zusammen mit seinen vier größten Monden in maßstäblichen Abstandsskalen.

In den 70er Jahren unseres Jahrhunderts rückten neue Beobachtungstechniken zur spektroskopischen Bestimmung der Oberflächen die vier Galileischen Monde Io, Europa, Ganymed und Kallisto wieder ins aktuelle Blickfeld der Planetenforscher. Genauere Vermessungen der Durchmesser wurden möglich. Wolken aus neutralem Natrium und ionisiertem Schwefel wurden auf Io entdeckt. Die Vorbeiflüge der amerikanischen Raumsonden *Pioneer 10* und *11* in den Jahren 1973 und 1974 ermöglichten erste in-situ-Messungen der Magnetosphären in Jupiters Umfeld. Daran schlossen sich 1979 die Vorbeiflüge der beiden *Voyager*-Sonden an, die uns anstelle kleiner Lichtscheibchen neue Welten vor Augen führten, wie sie bislang weder gesehen noch so erwartet worden waren. Die vier größten, unmittelbar benachbarten Monde zeigten trotz gemeinsamer Geschichte völlig unterschiedli-

Abb. 3: Ansicht der vier Galileischen Monde, deren unterschiedliche Eigenschaften für manche Aufregung sorgten:
- *Io als der vulkanisch aktivste Körper im Planetensystem*
- *Europa mit der glattesten Oberfläche und Hinweisen auf Wasser unter dem Eispanzer*
- *Ganymed mit der gefalteten Eisoberfläche*
- *Nur Kallisto traf mit seiner vernarbten Oberfläche die allgemeinen Erwartungen*

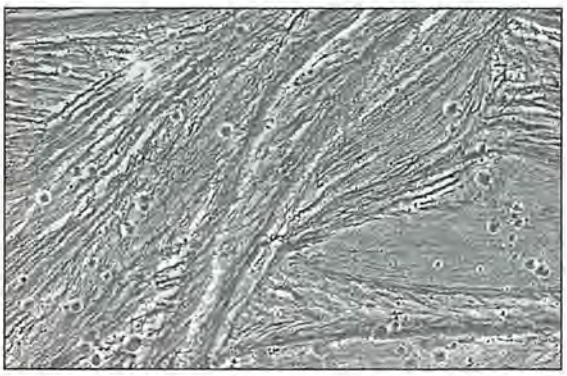


Abb. 4: Nippur-Sulcus-Region, die 54x90 km groß ist. Die ursprüngliche Oberfläche wurde durch Faltungen verändert. Der querverlaufende Strom ist möglicherweise ein vulkanischer Wasser-Eis-Fluß.

che Gesichter: Io erwies sich trotz ihrer großen Entfernung von der Sonne als der vulkanisch aktivste Körper im Planetensystem. Der nächste Mond, Europa, zeigte mit der glattesten Oberfläche im Planetensystem eine außergewöhnlich junge Oberfläche: ein gewaltiger Panzer aus riesigen Packeisfeldern, die durch Thermalrisse abgetrennt sind. Sein Nachbar, Ganymed, überraschte mit ganzen Strängen überdimensionaler Furchen. Nur der äußerste Mond, Kallisto, hatte die stark durch Impaktvorgänge geprägte Oberfläche, die man erwartete. Abb. 3 zeigt die vier Monde, wie sie sich als Ergebnisse der *Voyager*-Sonden darstellten

Die vier größten, unmittelbar benachbarten Monde zeigten trotz gemeinsamer Geschichte völlig unterschiedliche Gesichter.

In jüngster Zeit haben das Hubble-Weltraumteleskop und seit Dezember 1995 die Jupiter-Sonde *Galileo* uns Einblicke in weitere Details gewährt, über die hier – ausgehend von Ergebnissen der *Voyager*-Sonden – kurz berichtet werden soll.

Ergebnisse der Jupiter-Atmosphärensonde

Im Dezember 1995 tauchte nach einer sechsjährigen Reise das erste von Menschenhand gemachte Objekt in die Jupiter-Atmosphäre ab. Es war der bisher gewalttätigste Akt an einer Raumsonde: Mit etwa 180.000 km/h kam die Sonde ein klein wenig langsamer an der Jupiter-Atmosphäre an als die Bruchstücke des Kometen Shoemaker-Levi im Jahre 1994. In den ersten Minuten nach dem Aufprall heizte sich die Atmosphäre nahe der Sonde auf eine Temperatur auf, die doppelt so hoch war wie die Temperatur der Sonnenoberfläche. An dem abschmelzenden Schutzschild bauten sich Kräfte von einer 230fachen Erdbeschleunigung auf. Hätte die Sonde den vorgesehenen 3°-Korridor nicht getroffen, wäre sie entweder an der Atmosphäre abgeprallt oder verbrannt. In diesem Fall gelang die 170 km tiefe „Höllenfahrt", während der die Wissenschaftler mit einem 57minütigen Datenstrom beglückt wurden, auf den sie 20 Jahre lang gewartet hatten:

- Entdeckung eines neuen Strahlungsgürtels als Äquivalent zum van-Allen-Gürtel der Erde, allerdings 10mal stärker.
- Jupiter ist sehr viel trockener als prognostiziert: *Voyager* hatte einen doppelt so hohen Wasseranteil als der der Sonne ermittelt; Untersuchungen der Shoemaker-Levi-Einschläge führten gar zu einem zehnfachen Anteil, während die *Galileo*-Sonde nur eine der Sonne vergleichbare Menge nachwies. Möglicherweise sind die unterschiedlichen Meßergebnisse Abbild einer regional unterschiedlichen Verteilung des Wasserdampfgehaltes in Jupiters Atmosphäre.
- Blitze in der Jupiteratmosphäre sind drei- bis zehnmal seltener, aber etwa zehnmal stärker (sowohl was die Größe als auch die elektrische Ladung betrifft) als bei der Erde.
- *Galileo*-Sonde sah Stürme, die die Hurrikans der Erde als leichte Brisen erscheinen lassen. Sie nahmen mit der Tiefe an Stärke zu, so daß ihr Verhalten eher den Vorgängen in Sternen als Gasmassen in einer Planetenatmosphäre ähnelten.
- In anderer Hinsicht ist Jupiter sehr Stern-untypisch. Nach entwicklungtheoretischen Gesichtspunkten sollten die mächtigen Atmosphären der Gasplaneten die Zusammensetzung eines Urgasnebels ähnlich widerspiegeln wie die Sonne. Bei Jupiter wurde jedoch eine Anreicherung von Helium um Faktor zwei gemessen, was man mit dem Ausfall von sog. Droplets zusammenbringt, die zu einer Anreicherung in größeren Tiefen führen sollten.

Ganymed – Ungeahnte Details und ein Magnetfeld.

Gleich die ersten Bilder des Jupitermondes Ganymed machten es klar: *Galileo* gewährt uns Einblicke in eine bizarre Eiswelt. Ganymeds Landschaften, geformt alleine aus Wassereis und Geröll, sind vielgestaltiger als geahnt. Der Kontrast ist unerwartet hoch. In Abb. 4 steht die Sonne etwa 70° hoch und trotzdem ist die Topographie bestens zu sehen. Auflösungen bis 70 Meter wurden erreicht. Wo *Voyager* nur glatte Gebiete sah, die man für frische „Eislava" hielt, zeigt *Galileo* eine Reihe von Einschlagskratern, womit also gerade diese Gebiete relativ alt sein sollten. Damit wird die geologische Geschichte Ganymeds auf den Kopf gestellt. Nun scheinen die Faltungen der jüngere Prozeß zu sein. Aber die ersten superscharfen Bilder waren nicht einmal das bedeutendste Resultat: Zwei andere Instrumente haben eindeutige Anzeichen eines Magnetfelds samt „Minimagnetosphäre" bei Ganymed festgestellt. Das Plasmawellen-Spektrometer registrierte 45 Minuten lang einen „starken Radiolärm", und das Magnetometer sah die Gesamtfeldstärke, die bis dahin ausschließlich vom Magnetfeld des Jupiter bestimmt war, auf das Fünf-

fache hochschnellen. Als *Galileo* den Mond passiert hatte, kehrten die Feldstärke und die -richtung zu den alten Werten zurück. Damit hat ein Mond ein eigenes Magnetfeld und einen eigenen Strahlungsgürtel, also eine Magnetosphäre, innerhalb der mächtigen Jupitermagnetosphäre. Der Anstieg geladener Teilchen um Faktor 100 zeigt an, daß Ganymed auch eine Ionosphäre hat, was wiederum die Existenz einer dünnen Atmosphäre nahelegt (Fischer 1996a).

Woher könnte nun ein Magnetfeld für einen Mond stammen? Selbst wenn der Mond sich in jungen Jahren einen Eisenkern zugelegt haben sollte, müßte es Ganymed an innerer Wärme fehlen, um heute einen magnetfelderzeugenden Dynamo zu betreiben. Denn die normale Wärmequelle im Innern von festen Himmelskörpern ist die Radioaktivität und die genügt bei Ganymed dazu bei weitem nicht! Deshalb bringt man das Magnetfeld mit der Vorstellung eines salzigen Ozeans unter dem Eispanzer zusammen. Da aber die elektrische Leitfähigkeit von Salzwasser viel geringer ist als die von Metall, müßte der Ozean rasant umgerührt werden, wozu die innere Wärme als Energiequelle ebenfalls nicht ausreicht. Vielleicht spielen hier Gezeiteneffekte eine Rolle, mit denen man auch Ios Vulkanismus erklärt (Pailer 1996).

Europa – Wasser unter dem Eispanzer? Zukünftige Vorbeiflüge von *Galileo* sollen Bildauflösungen bis 26 Meter pro Pixel verbessern. Aber schon die ersten Impressionen in Abb. 5 gaben Anlaß zu weitgehenden Mutmaßungen: Auf Europa soll es einen 10-15 Kilometer dicken Eispanzer geben; darunter 60-80 Kilometer dickes, „warmes Eis", sprich Wasser, darin sogar mögliche Lebensformen (Fischer 1996b).

Die Eisoberfläche der Europa, die so groß ist wie der Erdmond, ist von einem Gewirr von langen, dunklen Bändern mit weißen „Mittelstreifen" durchzogen wie dies exemplarisch Abb. 6 zeigt. Die Streifen entpuppen sich bei genauerem Hinsehen als Lücken zwischen den einzelnen Eisschollen. Da aus diesen Strukturen auf eine Bewegung der Eisschollen geschlossen wird, vermuten die Astronomen darunter ein Schmiermittel in Form eines zähflüssigen Mediums. Die Bänder mit Mittelstreifen werden in diesem Sinne folgendermaßen interpretiert: Irgendwo kommt es zu einem Spannungsriß. Der Druck unter der Eisscholle entlädt sich, indem fontänenartig Wasser im Bereich des Risses nach oben dringt und silikatisches Material aus der Tiefe nach oben reißt. Daher die dunklen Flanken. Letztlich läuft dann klares Wasser nach, das den

Abb. 5: Gesamtansicht des Jupitermondes Europa mit der glattesten Oberfläche im Sonnensystem. Sie besteht aus einem mächtigen Eisschild, der von bis zu 3000 Kilometer langen Spannungsrissen durchzogen ist. Eine auffällige Signatur bildet der 50 Kilometer große Krater Pwyll (Keltischer Gott der Unterwelt)

Graben von unten her auffüllt. Bislang wilde Spekulation. Der beste Nachweis wäre die Aufnahme eines entsprechenden Geysir-Szenarios.

Dieser Vorgang funktioniert allerdings nur dann, wenn eine entsprechende Energiequelle vorhanden ist. Sollte der Mechanismus, der den Vulkanismus auf Io betreibt und das Magnetfeld bei Ganymed ermöglicht, auch für Ozeane unter Europas Eispanzer verantwortlich sein?

Abb. 6: Oberflächendetails des Jupitermondes Europa. Der mächtige Eispanzer wird von langen Spannungsrissen durchsetzt, deren Struktur auf mögliches Wasser unter dem Eis schließen läßt.

Noch interessanter sind die Spekulationen über den „Meeresboden": Da Europas Wärme von innen kommt, dürfte sie mit warmen Quellen übersät sein – vielleicht vergleichbar mit den unterseeischen vulkanischen Schloten, in deren Umgebung nach spekulativen Szenarien auch irdisches Leben seinen Anfang genommen haben soll. Manche Forscher wagen deshalb sogar die Vermutung, daß Europa ein vielversprechenderer Platz sei, um mögliche Lebensspuren zu finden, als der Mars.

Norbert Pailer

Literatur

Fischer D (1996a) Galileo bei Ganymed, Sterne und Weltraum 10/1996, 720-723.

Fischer D (1996b) Flüssiges Wasser auf dem Jupitermond Europa, Sterne und Weltraum 11/1996, 816-817.

Horanyi M & Cravens TE (1996) The structure and dynamics of Jupiter's ring. Nature *381*, 293-295.

Kasper M (1996) Jupiters feiner Ring. Sterne und Weltraum 12/1996, 903.

Pailer N (1996) Faszination Weltraum. Bilder vom Rand der Welt. Neuhausen.

Schnelle Änderung des Erdmagnetfeldes

Das Magnetfeld der Erde entsteht nach heutigen Theorien durch elektrische Ströme im äußeren Erdkern (2900 bis 5100 km). Als dessen Hauptbestandteil wird flüssiges Eisen angenommen. Wegen des Temperaturunterschieds zwischen der Grenze zum inneren Kern und der Kern-Mantel-Grenze oder wegen Unterschieden im Chemismus bildet sich eine konvektive Strömung aus, in der durch das anfangs vorhandene Magnetfeld Ströme induziert werden. Diese erzeugen ihrerseits wiederum das Magnetfeld (Dynamoeffekt). Ändern sich die Strömungen, so kann sich die Polarität des Feldes umkehren. Solche Feldumkehrungen gab es in der Erdgeschichte häufiger. So findet man am mittelozeanischen Rücken „Streifenmuster" mit abwechselnd normaler und inverser Polarität. Für die Übergangszeit von der einen zur anderen Polarität werden 2-10.000 Jahre veranschlagt (Soffel 1991).

Nun haben Coe et al. (1995) in Lavaergüssen bei Steens Mountain (Oregon) eine Winkeländerung der Magnetfeldrichtung der Erde von etwa 6 Grad pro Tag nachgewiesen. Dies ist 1000mal schneller als die heute beobachtete Rate.

Die Konservierung der Feldrichtung funktioniert wie folgt: Erhitzt man ein magnetisierbares Material über eine gewisse Temperatur T_c (Curie-Temperatur), so verliert es seine Magnetisierung bis auf einen kleinen Anteil. Kühlt es sich dann wieder unter T_c ab, so behält das Gestein eine remanente (d. h. unabhängig vom äußeren Magnetfeld vorhandene) Magnetisierung in Richtung des Magnetfeldes zum Abkühlungszeitpunkt. Falls keine nachträgliche Veränderungen mehr erfolgen, dokumentiert das Gestein so die Richtung und Intensität des Erdfeldes.

Die Wissenschaftler hatten bereits früher (Prévot et al. 1985) 56 Lavaschichten untersucht, die radiometrisch auf 16,2 Ma datiert wurden. Diese dokumentieren eine Umpolung des Erdmagnetfeldes von inverser zu normaler Polarität. Dabei treten neben vielen kleineren Änderungen drei Sprünge in der Magnetisierungsrichtung auf, d. h. zwischen zwei aufeinanderfolgenden Schichten ist ein großer Unterschied in der Richtung der Magnetisierung festzustellen. Den ersten dieser Sprünge untersuchten die Autoren vor einigen Jahren (Coe et al. 1989) und fanden eine Änderungsrate von 3 Grad pro Tag, konnten aber damals eine viskose Magnetisierung des Gesteins nicht ausschließen. (Unter viskoser Magnetisierung wird ein zeitlich verzögertes Einstellen der Magnetisierung unter dem Einfluß eines außerhalb des Gesteins wirkenden Magnetfeldes verstanden.) Deshalb wurde der zweite Sprung nun genauer untersucht. Die Magnetisierung wurde für verschiedene Höhen über der Schichtgrenze für mehrere Schichten gemessen (Abb. 1). Dabei zeigte sich, daß die Magnetisierungsrichtung im Inneren der Schicht D41 um bis zu 60 Grad von der der darunterliegenden D42 abweicht, während sie an den Grenzflächen von D41 unverändert ist. Die Abweichung in D41 liegt dabei immer zwischen der alten D42-Richtung und der neuen der darüberliegenden Schichten. Dies entspricht genau der Erwartung, wenn sich die Feldrichtung während des Abkühlens von D41 geändert hat. Denn ein Lavaerguß kühlt im Inneren langsamer ab als an den Grenzflächen, so daß T_c dort später unterschritten wird und das Innere die Feldrichtung zu einem späteren Zeitpunkt dokumentiert.

Die Autoren diskutieren verschiedene Effekte, die zu falschen Ergebnissen führen können. Nachträgliches Erhitzen scheidet wegen der mit D42 übereinstimmenden Magnetisierung der oberen Schichtgrenze von D41 aus. In D41 könnte horizontal ein neuer Erguß eingedrungen sein. Dieser müßte aber vor dem Erstarren eingedrungen sein, da er sonst im Gefüge zu erkennen wäre. In diesem Fall kann er aber die Größenordnung der Abkühlungsdauer nicht wesentlich verändern, so daß diese Erklärungsmöglichkeit ausscheidet. Für eine materialbedingte Abweichung der Magnetisierungsrichtung von der des erzeugenden Feldes (magnetische Anisotropie), die eine starke Richtungsänderung bewirken könnte, fanden die Autoren keine Hinweise. Da alle beobachteten Richtungen weit von der Gleichgewichtslage des Erdfeldes entfernt sind und der Viskositätsindex (er beschreibt die Änderung der Feldrichtung pro Zeit) in D41 nicht mit der beobachteten Winkelabweichung korreliert ist, ist eine nachträgliche viskose Änderung (s. o.) als Erklärung nicht möglich.

Diese Ergebnisse sind mit dem herkömmlichen Bild vom Erdinnern schwerlich in Einklang zu bringen.

Für eine Ummagnetisierung durch chemische Prozesse finden die Autoren nach Untersuchungen zur Mineralogie und Korngröße keine Hinweise. Modellrechnungen zur Abkühlung der Schicht D41 mit verschiedenen Materialgrößen ergeben, daß die Abkühlung in der Nähe des Punktes am längsten dauert, der die größte Abweichung zeigt. Außerdem ergibt sich aus der gleichen Rechnung, daß die Abkühlungszeit zwischen 6 und 15 Tagen liegt. Zudem zeigt sich ein Zusammenhang zwischen errechneter Abkühlungsdauer und Magnetfeldänderung: Die Magnetisierung ändert sich innerhalb der Schicht

Stud. Int. J. 4 (1997), 38 – 39

kontinuierlich vom Wert vor dem Sprung zu dem Wert der maximalen Abweichung. Daraus ergibt sich eine Änderung pro Tag von ungefähr 6 Grad.

Diese Ergebnisse sind mit dem herkömmlichen Bild vom Erdinnern schwerlich in Einklang zu bringen. Eine schnelle Änderung des Magnetfelds im Erdkern sollte nämlich wegen der Leitfähigkeit des Erdmantels stark gedämpft werden, so daß sie an der Oberfläche nicht zu sehen sein sollte. Lediglich solche mit Perioden ab einem Jahr sollte man beobachten können. Die Autoren nehmen nun eine sehr geringe Leitfähigkeit des Mantels an und zeigen, daß Nichtdipolanteile des Feldes gerade noch Änderungen mit der beobachteten Geschwindigkeit bewirken könnten. Dazu müßte allerdings ihr Anteil am Magnetfeld unerwartet groß gewesen sein. Zweitens und noch wichtiger ist, daß Vorgänge, die eine Magnetfeldänderung bewirken können, um Größenordnungen schneller abgelaufen zu sein scheinen als die Theoretiker aufgrund der Dynamotheorie erwarten. Dies könnte dafür sprechen, dass auch die Feldumkehrungen als Ganzes viel schneller ablaufen können, als bisher angenommen wird.

Oliver Beck

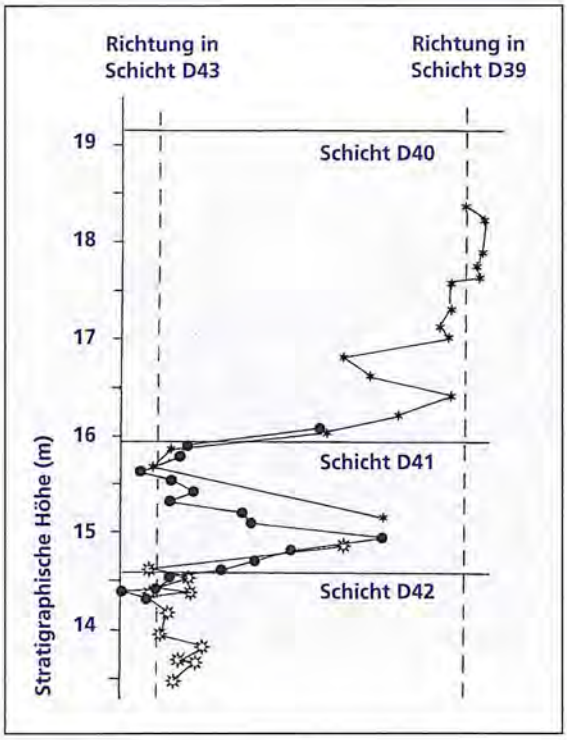


Abb. 1: Winkeländerung der remanenten Magnetisierung nach thermischer Demagnetisierung bis 500 °C in den Lavaschichten D42 bis D 40. Näheres im Text. Für die verschiedenen vertikalen Profile wurden unterschiedliche Symbole verwendet. Nach Coe et al. (1995).

Literatur

Coe RS & Prévot M (1989) Evidence suggesting extremely rapid field variation during a geomagnetic reversal. Earth planet. Sci. Lett. *92*, 292-298

Coe RS, Prévot M & Camps P (1995) New Evidence for extraordinarily rapid change of the geomagnetic field during a reversal. Nature *374*, 687-692

Merrill RT (1995) Principle of least astonishment. Nature *374*, 674-675.

Prévot M, Mankinen EA, Gromme CS, Coe RS (1985) How the geomagnetic field vector reverses polarity. Nature *316*, 230-234

Soffel HC (1991) Paläomagnetismus und Archäomagnetismus. Berlin, Heidelberg, S. 208.

Schnelle Evolution der Samenverbreitung bei Pflanzenpopulationen auf küstennahen Inseln

In letzter Zeit mehren sich Hinweise darauf, daß Mikroevolution sehr schnell ablaufen kann. Man vergleiche hierzu etwa die Beiträge über die Mikroevolution an Sonnenblumenarten *(Helianthus)* in dieser Ausgabe (Kutzelnigg 1997) sowie über die Gauklerblumen *(Mimulus)* in Studium Integrale Journal 3/1 (Kutzelnigg 1996).

Nun legen Cody & Overton (1996) als weiteres Beispiel schneller Evolution Untersuchungen über das Besiedlungsverhalten von küstennahen Inseln durch Pflanzen vor, die durch den Wind verbreitet werden. In der Familie der Korbblütler (Asteraceae) erfolgt die Windverbreitung der Früchte – die Fruchtwand umschließt hier fest den einzigen Samen – vielfach mit Hilfe eines schirmförmigen Haarkranzes oder Pappus. Die Situation ist z.B. durch den Löwenzahn allgemein bekannt (Schirmchenprinzip der Pusteblume, Abb. 1). Als Faustregel gilt, daß die Früchte desto besser fliegen, je größer der Schirm und je kleiner der Samenanteil ist. Cody & Overton untersuchten über acht Sommer hinweg das Verhalten verschiedener Korbblütler auf etwa 200 kleineren Inseln vor der kanadischen Westküste. Neun Arten wurden in die engere Wahl gezogen. Acht davon sind bekannte Arten Mitteleuropas, die sich in der dortigen Gegend eingebürgert haben. Die deutlichsten Ergebnisse lieferten der Mauerlattich (*Mycelis muralis*, Abb. 2) und das Gemeine Ferkelkraut *(Hypochoeris radicata)*. Das sind ausdauernde, krautige Pflanzen, die sowohl auf dem Festland als auch auf den Inseln inzwischen häufig sind.

Die Untersuchungen zeigten folgende Ergebnisse: In den ersten Jahren nach der Neubesiedlung war die Ausbreitungsfähigkeit relativ gut. Sie war besser als der Durchschnitt der Schwankungsbrei-

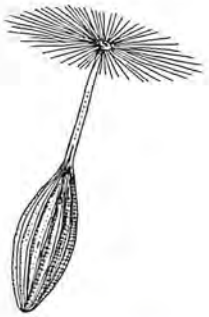


Abb. 1: Typischer Schirmchenbau einer Korbblütlerfrucht (Achäne) mit dem Pappus (Haarkranz).

Abb. 2: Mycelis muralis, *der Mauerlattich.*

te der Festlandspopulationen. Das ist verständlich, denn nur gute Flieger können auf die Inseln gelangen. In den folgenden Jahren verschoben sich die Werte zunehmend in gegenläufiger Richtung. Zuletzt zeigten die auf den Inseln überlebenden Individuen nur noch eine schlechte Flugfähigkeit ihrer Früchte. Auch das ist verständlich, denn die besiedelbare Fläche zwischen dem Meer und den Kiefernwäldern des Inselinneren ist sehr klein. Daher haben Populationen mit weit fliegenden Früchten kaum Überlebenschancen – sie werden zu oft aufs Meer getrieben. So war der Pappus beim Ferkelkraut ebenso wie beim Mauerlattich ein Drittel kleiner als auf dem Festland. Beim Ferkelkraut war außerdem der Samenanteil ein Viertel größer als bei der gleichen Art auf dem Festland und entsprechend schwerer.

Was bedeuten nun diese Ergebnisse? Die geschilderten Selektionsprozesse und die beobachtete Selektionsrichtung entsprechen der Erwartung. Aus evolutionstheoretischer Sicht würde man allerdings sehr lange Zeiträume für solche Prozesse annehmen. Daß aber schon nach etwa acht Jahren, d.h. nach etwa vier bis sechs Generationen, die Etablierung signifikant verschiedener Populationen vollzogen war, hätte kaum jemand für möglich gehalten.

Herfried Kutzelnigg

Literatur

Cody ML & Overton JM (1996) Short-term evolution of reduced dispersal in island plant populations. J. Ecol. *84*, 53-61.

Kutzelnigg H (1996) Schnelle Artbildung bei der Gauklerblume *(Mimulus)* durch Variation von Blütenmerkmalen? Stud. Int. J. *3*, 37-39.

Kutzelnigg H (1997) Schnelle Artbildung bei Sonnenblumen (*Helianthus*) durch Hybridisierung. Stud. Int. J. *4*, 40-41.

Schnelle Artbildung bei Sonnenblumen (Helianthus) durch Hybridisierung

Seit kurzem erlaubt die Anwendung moderner molekularbiologischer Methoden Einsichten in mikroevolutive Prozesse, wie dies noch vor wenigen Jahren undenkbar schien. Bei dem neuen Verfahren werden Chromosomen durch Vervielfachung von DNS-Abschnitten mit einer großen Zahl von Banden versehen, die im Elektrophoresegel zu erkennen sind. Man spricht von RAPD-Markern (Randomly Amplified Polymorphic DNA). Man erhält dadurch eine hohe Zahl künstlich hergestellter Merkmale, die es erleichtern, das Schicksal bestimmter Chromosomenabschnitte zu verfolgen. Die Ergebnisse der neuen Methodik werden von allen, die sich mit Fragen zur Evolution befassen, mit großer Spannung erwartet (vgl. Coyne 1996).

Eines der ersten Beispiele, das auf diese Weise ausführlich analysiert wurde, war die Gattung *Mimulus* (Gauklerblume). Das Ergebnis war aus Sicht der Autoren (Bradshaw et al. 1995; vgl. auch Coyne 1995) sehr überraschend. Zeigte es sich doch, daß die Unterschiede zwischen den beiden untersuchten Arten, die durch ihre Anpassung an die Bestäuber (Hummeln bzw. Kolibris) deutlich verschieden sind, auf nur wenige Genorte zurückgehen und daher innerhalb kürzester Zeit durch wenige Mutationsschritte von jeweils entsprechend großer Tragweite entstanden sein könnten (vgl. Kutzelnigg 1996).

Nun legen jetzt, kurze Zeit danach, Rieseberg et al. (1996) ein weiteres Beispiel vor, das – um es gleich vorwegzunehmen – wiederum Überraschung auslöste. Denn es zeigt, daß die wesentlichen Schritte zur Artbildung, für die im vorliegenden Fall der Zeitraum von etwa 170.000 Jahren angenommen wird, innerhalb weniger Generationen hätten abgeschlossen sein können.

Gegenstand der Untersuchung sind drei wildwachsende, einjährige Sonnenblumen-Arten Nordamerikas: *Helianthus annuus,* die wir in Mitteleuropa als Kulturpflanze kennen, *Helianthus petiolaris*

Stud. Int. J. 4 (1997), 40 – 41

und *H. anomalus*, eine hybridogene Art mit den beiden vorigen Arten als mutmaßlichen Eltern. Die beiden ersteren Arten sind im Westen der Vereinigten Staaten weit verbreitet und bilden in Berührungsgebieten Bastardschwärme. Letztere sind weitgehend steril, da sie sich u.a. in der Anordnung der Chromosomensegmente unterscheiden und es dadurch in der Meiose zu Störungen kommt. Der Samenansatz liegt bei nur etwa 1% (RIESEBERG et al. 1995). Die hybridogene Art *H. anomalus* wächst innerhalb des Areals der Eltern in den Bundesstaaten Arizona und Utah und ist dort auf Feuchtstandorte und Sanddünen beschränkt.

Um den möglichen Entstehungsweg von *H. anomalus* nachvollziehen zu können, stellten RIESEBERG und Mitarbeiter drei verschiedene Hybridlinien her, ausgehend vom gemeinsamen Bastard und nachfolgenden Geschwisterpaarungen und Rückkreuzungen. Nach fünf Generationen wurden die drei Linien mit Hilfe der RAPD-Technik analysiert. Das Ergebnis war in zweifacher Hinsicht überraschend: 1. Die drei Linien waren trotz unterschiedlicher Entstehungsweise sehr ähnlich. 2. Die künstlich erzeugten Hybriden hatten nahezu denselben Genbestand wie die hybridogene Art. Offenbar sind bestimmte Genkombinationen sehr stark gegenüber anderen bevorzugt, so daß Selektionsprozesse reproduzierbar in fast dieselbe Richtung zielen. So waren die wesentlichen Schritte zur Entstehung der hybridogenen Art *H. anomalus* schon nach wenigen Generationen abgeschlossen.

Das überraschende Ergebnis der Kreuzungsexperimente sowohl bei *Mimulus* als auch bei *Helianthus* ist also dasselbe: Es scheint grundsätzlich möglich, daß Artbildung einen Prozeß von nur wenigen Generationen darstellt. Zwar sind die Untersuchungen nicht in der Lage, verbindliche Auskunft darüber zu geben, was sich in der Vergangenheit tatsächlich ereignet hat. Aber immerhin stecken sie einen Rahmen des Möglichen ab. Es bleibt noch die Frage, ob die beiden genannten Beispiele repräsentativ sind. Das bleibt abzuwarten. So werden weitere Untersuchungen mit Spannung erwartet. Einiges spricht dafür, daß die beiden Fälle keine untypischen Situationen darstellen. Denn wie im Beispiel von *Mimulus* gibt es zahlreiche Artenpaare innerhalb von Gattungen, die sich durch ihre Anpassung an spezielle Bestäuber unterscheiden, und wie im Beispiel von *Helianthus* ist ein erheblicher Anteil unserer heutigen Pflanzenarten hybridogener Herkunft.

Herfried Kutzelnigg

Literatur

BRADSHAW Jr HD, WILBERT SM, OTTO KG & SCHEMSKE DW (1995) Genetic mapping of floral traits associated with reproductive isolation in monkeyflowers (*Mimulus*). Nature *376*, 762-765.

COYNE J (1995) Speciation in monkeyflowers. Nature *376*, 726-727.

COYNE J (1996) Speciation in action. Science *272*, 700-701.

KUTZELNIGG H (1996) Schnelle Artbildung bei der Gauklerblume (*Mimulus*) durch Variation von Blütenmerkmalen? Stud. Int. J. *3*, 37-39.

RIESEBERG LH, SINERVO B, LINDER CR, UNGERER MC & ARIAS DM (1996) Role of gene interactions in hybrid speciation: Evidence from ancient and experimental hybrids. Science *272*, 741-745.

RIESEBERG LH, VAN FOSSEN C & DESROCHERS M (1995) Hybrid speciation accompanied by genomic reorganization in wild sunflowers. Nature *375*, 313-316.

Neues zur Systematik der Arthropoden

Die Stammesgeschichte und Systematik der Metazoen (vielzellige Tiere) ist eines der beherrschenden Themen der speziellen Zoologie. Dennoch sind auf diesem Gebiet überzeugende Fortschritte nicht absehbar. Zu dieser Einschätzung gelangt Graham E. BUDD von der Universität Uppsala, Schweden, in einem Überblick über ein Symposium über Verwandtschaftsbeziehungen bei Arthropoden, das im April 1996 am Naturhistorischen Museum in London stattfand (BUDD 1996). Der gegenwärtige Kenntnisstand soll im folgenden in enger Anlehnung an die Analyse von BUDD referiert werden.

Die Arthropodensystematik ist in Bewegung. Unter allen Großgruppen stellen die Verwandtschaftsbeziehungen der Arthropoden (Gliederfüßer; s. Kasten) derzeit die größte Herausforderung dar. Nach den Arbeiten von MANTON (1977) wird von einigen Zoologen sogar bezweifelt, daß die vertrauten Arthropodenklassen (s. Kasten) überhaupt eine natürliche Einheit bilden; die Gruppen könnten sich ebensogut unabhängig voneinander aus verschiedenen

Arthropoden (Gliederfüßer)

Tierstamm der Gliedertiere, deren Körper mit einer Chitinkutikula (Außenskelett) überzogen ist; besitzen mindestens im vorderen Körperdrittel paarige Extremitäten. Diese bestehen aus gelenkig miteinander verbundenen, starren Gliedern. Mindestens eines dieser Gliedmaßenpaare ist als Fühler oder als Mundwerkzeug ausgebildet.
Zu den Arthropoden gehören u. a. die Spinnentiere (Arachnida), Krebse (Crustacea), Tausendfüßer (Myriapoda), Insekten (Insecta) und die ausgestorbenen Trilobiten (Trilobita).

Gene, die die Embryonalentwicklung steuern

Homöotische Gene können bei homöotischen Mutationen einen Körperteil in einen anderen umwandeln, etwa wenn bei der Fruchtfliege *Drosophila* ein Bein statt einer Antenne wächst.

Homöotische Mutationen bewirken, daß sich Zellen in einem bestimmten Teil des Körpers so verhalten, als befänden sie sich in einem anderen Teil. Absonderliche Bauplanstörungen sind die Folge.

Vorfahren entwickelt haben. Die Neubearbeitung der fossilen Arthropodenfaunen der mittelkambrischen Burgess-Schiefer, die eine Vielzahl neuer Taxa geliefert hat, scheint diese Sichtweise zu unterstützen (Gould 1991; vgl. Stephan 1994). Und selbst wenn man die Arthropoden als (mehr oder minder) monophyletische Gruppe akzeptiert, so finden sich in der Literatur doch zahlreiche Meinungen über die Beziehungen der Arthropodengruppen untereinander.

Von zwei Seiten erhielt die Arthropodensystematik nach 1980 frische Impulse. Zum einen stellte sich heraus, daß die Burgess-Schiefer nicht die einzige sehr gut erhaltene kambrische Fossillagerstätte darstellen (Conway Morris 1989). Etwa 30 weitere sind bislang beschrieben worden. Einen zweiten Impuls vermittelte der zunehmende Einsatz molekularbiologischen Techniken, vor allem die Analyse der ribosomalen RNA, in die systematische Forschung (Field et al. 1988). Die Hoffnung, mit Hilfe der neuen Daten ließe sich alsbald ein klares Bild entwickeln, erwies sich jedoch als trügerisch. Vielmehr geriet der bis dahin gültige Konsens zur Arthropodensystematik auch noch ins Wanken. Ein Beispiel: nach gängigem Lehrbuchwissen sind die Myriapoden (Tausendfüßer) und die Insekten ohne Zweifel nächste Verwandte. Demgegenüber wurden in einigen Beiträgen des Londoner Symposiums Daten vorgelegt, die auf eindrucksvolle Weise andere Schlüsse nahelegen. Insbesondere sind Gemeinsamkeiten zwischen Insekten und einigen Crustaceen im Bau des Nervensystems und der Augen bekannt geworden, welche die Myriapoden nicht teilen. Sind die Insekten also abgeleitete Krebse? Und wo sind die Myriapoden einzuordnen?

Auch die gängige Annahme, daß die Arthropoden aus Anneliden-artigen Vorfahren (Ringelwürmer) hervorgingen und deshalb mit diesen die segmentale Körpergliederung gemeinsam haben, ist aus molekularbiologischer, ontogenetischer und paläontologischer Perspektive unter Beschuß geraten.

Kein allgemein anerkanntes System. Was bleibt nun angesichts der Demontage vermeintlich fester Eckpfeiler an gesicherter Kenntnis übrig? Sehr wenig, so das Resümee von Budd. Er zitiert den Beitrag des Tschechen Jan Zrzavy, demzufolge molekulare und morphologische Daten, getrennt betrachtet, zu gut begründeten Stammbäumen führen, die untereinander jedoch inkompatibel sind. Die entmutigende Folgerung ist, daß entweder die molekularen oder die morphologischen Ansätze (oder womöglich beide) schlichtweg falsch sind. Die Protagonisten einer umfassenden Sichtweise („total evidence") versuchen, das Dilemma zu bewältigen, indem sie die paläontologischen, morphologischen und molekularen Daten kombinieren (Wheeler et al. 1993), doch ist zu bezweifeln, daß durch reine Vermehrung der zur Klassifizierung verwendeten Daten ein klareres Bild entsteht.

Die Renaissance der Fossilien. Trotz der allgemeinen Konfusion zeichnete sich während des Londoner Symposiums auf einigen wenigen Gebieten ein gewisser Konsens ab. Das betrifft zuerst die Lobopoda (Tardigraden [Bärtierchen] und Onychophoren [Stummelfüßer]), die nicht als monophyletischer Zweig, sondern als paraphyletische (nicht nächstverwandte) Gruppe nahe der Basis des Arthropodenstammes aufgefaßt werden. Zum zweiten herrscht weitgehende Einigkeit darüber, daß die Insekten und die Crustaceen nächstverwandt sind, und daß womöglich die Insekten eigentlich zu den Krebstieren gehören. Letzlich wurde auch deutlich, daß kein Teilgebiet allein, weder die Molekularbiologie noch die Morphologie oder der Fossilbericht, den Schlüssel zur Lösung aller Probleme wird liefern können. In diesem Zusammenhang ist bemerkenswert, daß dem Fossilbericht wieder mehr Gewicht in der Systematik und Phylogenetik beigemessen wird. Dessen Bedeutung war in den letzten Jahren sehr in Frage gestellt worden (Patterson 1981).

Neue Perspektiven. Ein wenig beachteter Fragenkreis betrifft die tieferen Gründe für die Schwierigkeiten, die Verwandtschaftsverhältnisse der Arthropoden zu verstehen. Es scheint zunehmend klarer zu werden, daß sich hinter dem verwirrenden Schauspiel morphologischer Vielfalt eine begrenzte Zahl verbreiteter und konservativer genetischer Mechanismen verbirgt, unter denen die „homöotischen Gene" erwähnt werden sollen (Akam 1995; s. Kasten). Der Einfluß dieser genetischen „Toolbox", so Budd, mag in verschiedenen Entwicklungslinien zur Ausprägug gleicher Phänotypen geführt haben. Solche Mechanismen könnten helfen, die zahlreichen Konvergenzerscheinungen bei Arthropoden und insgesamt bei den Metazoen besser zu verstehen.

Wege zur Vielfalt? Das von Budd angesprochene genetische Instrumentarium der Morphogenese beinhaltet nach derzeitigem Kenntnisstand ein hierarchisches System von Kontrollgenen, über das je nach Organismus und Organ aus einer Grundausstattung morphogenetischer Möglichkeiten die jeweils „passende" realisiert wird. Dabei ist die Grundausstattung innerhalb größerer systematischer Gruppen wenig verschieden, und die Gestaltunterschiede der Untergruppen und Arten resultie-

ren sozusagen aus der unterschiedlichen Benutzung desselben Baukastens. Vor diesem Hintergrund kann etwa in einem gedachten Ur-Arthropoden ein beachtliches Arsenal an Gestaltmöglichkeiten vermutet werden, das vornehmlich durch Variation der Kontrollinstanz zu der vorliegenden Formenfülle geführt haben könnte. In den derzeit gängigen Kategorien und Begriffen der Systematik, die aus morphologischen Merkmalsmustern auf die Phylogenese und die natürliche Verwandtschaft der Organismen schließen sollen, findet ein solches Konzept einer genetisch komplexen Stammform und der differenziellen Gestaltverwirklichung keinen Widerhall. Vielmehr wird deutlich betont, daß zwischen Merkmalen des Grundbauplans (Apomorphien) sowie Parallelentwicklungen, die auf keiner Verwandtschaft beruhen (Konvergenzen), streng zu trennen sei. Sollte sich die Vorstellung eines umfassenden genetischen „Grundbaukastens" festigen, so müßten diese Begriffe und die darauf beruhenden Systeme auf ihre Schlüssigkeit angesichts der genetischen Gegebenheiten überprüft werden.

Martin Adler

Literatur

Akam M (1995) Hox genes and the evolution of diverse body plans. Philos. Trans. R. Soc. London Ser. B *349*, 313-319.

Budd GE (1996) Progress and problems in arthropod phylogeny. Trends Ecol. Evol. *11*, 356-358.

Conway Morris S (1989) The persistence of Burgess Shale-type faunas: implications for the evolution of deeper-water faunas. Trans. R. Soc. Edinb. Earth Sci. *80*, 271-283.

Field KG et al. (1988) Molecular phylogeny of the animal kingdom. Science *239*, 748-753.

Gould SJ (1991) Zufall Mensch. Das Wunder des Lebens als Spiel der Natur. München.

Manton SA (1977) The Arthropoda. Oxford.

Patterson C (1981) Significance of fossils in determining evolutionary relationships. Annu. Rev. Ecol. Syst. *12*, 195-223.

Stephan M (1994) Neuere Forschungen zur Lebewelt im Kambrium und Jung-Präkambrium - ein Überblick. Stud. Int. J. *1*, 4-11.

Wheeler WC, Cartwright P & Hayashi CY (1993) Arthropod phylogeny: a combined approach. Cladistics *9*, 1-39.

STREIFLICHTER

Anfangsstadien der Artbildung

Ein See auf der Halbinsel Yucatan (Mexico) beherbergt fünf eng miteinander verwandte Fischarten der Gattung *Cyprinodon*, die nur dort vorkommen (endemische Arten). Während des Eozäns war der See noch eine Lagune, die durch Anhebung der Halbinsel heute ca. 100 km vom Meer entfernt liegt. Im heutigen See herrschen extreme chemische Bedingungen, unter denen nur wenige Tier- und Pflanzenarten überleben können. Geologische Untersuchungen lassen vermuten, daß der See vor etwa 8000 Jahren fast vollständig ausgetrocknet war, was drastische Folgen für das gesamte Ökosystem gehabt haben muß. Als nächster Verwandter der fünf Fischarten gilt ein Vertreter derselben Gattung (*C. artifrons*), der in Küstenlagunen Yucatans unter ähnlich extremen Bedingungen lebt.

Untersuchungen eines sehr variablen Genabschnitts der mitochondrialen DNA dieser Fische zeigen, daß die Artbildung im See in für evolutionäre Verhältnisse extrem kurzer Zeit stattgefunden haben muß, nämlich erst im Laufe der letzten 8000 Jahre. Die fünf Arten unterscheiden sich genetisch nur sehr wenig voneinander. Die genetische Vielfalt der Lagunenart *C. artifrons* ist sogar deutlich größer als die zwischen den fünf verschiedenen endemischen Arten. Die geringe Vielfalt läßt sich durch eine kleine Anzahl von Gründerindividuen erklären oder aber durch einen extremen Populationsengpaß durch die fast völlige Austrocknung des Sees. Nach diesem Ereignis könnte in dem durch Steigen des Wasserspiegels neu entstandenen Habitat die Voraussetzung für eine konkurrenzlose rasche Radiation der Arten gegeben gewesen sein. Die Verteilung der genetischen Marker macht es möglich, einen einzigen Typ der mitochondrialen DNA anzugeben, von dem aus sich die heute existierenden Variationen ableiten lassen. Dieser Typ der DNA ist der häufigste unter den endemischen Arten und kommt ebenfalls bei einigen Individuen der Lagunenart vor. Die Ableitung der fünf neuen Arten von der Lagunenart *C. artifrons* ist daher plausibel. Eine Art der endemischen Fische (*C. beltrani*) ähnelt ihr sehr stark und gleicht ihr auch in der Ernährungsweise – beide leben von den wenigen Algenarten, die in diesen Gewässern existieren können. Die übrigen vier Arten sind Fleischfresser. Sie können in Gefangenschaft leicht gekreuzt werden und bilden fruchtbare Hybriden mit *C. beltrani*. Möglicherweise bildet *C. beltrani* eine Brücke zwischen der Lagunenart und den Seearten.

Modelle wie dieses können dazu dienen, Artbildung quasi in ihrem Anfangsstadium zu studieren. [Strecker U, Meyer CG, Sturmbauer C & Wilkens H (1996) Genetic divergence and speciation in an extremely young species flock in Mexico formed by the genus *Cyprinodon* (Cyprinodontidae, Teleostei). Mol. Phyl. Evol. *6*, 143-149] *JF*

Die Allantois der Vögel: Mehr als nur ein Abfalleimer

Das typische Lehrbuchbild sieht in der Allantois der Vögel (Abb. 1) ein extra-embryonales Organ, das zwei Funktionen dient: (1) Atmung, durch ein Gefäßnetz, das unmittelbar unter der Eischale liegt; (2) Speicherung metabolischen Abfalls in der allantoischen Flüssigkeit. Dieses vereinfachte Bild muß aufgrund der Untersuchungen von EPPLE und Mitarbeitern stark modifiziert werden: Es wurde nicht nur gefunden, daß die Allantois einen temporären Speicher („Puffer") für Hormone wie Adrenalin und Noradrenalin während Streßreaktionen darstellt, sondern auch, daß sie eine große Anzahl (rund 40) Aminosäuren und verwandte Bindungen enthält, deren

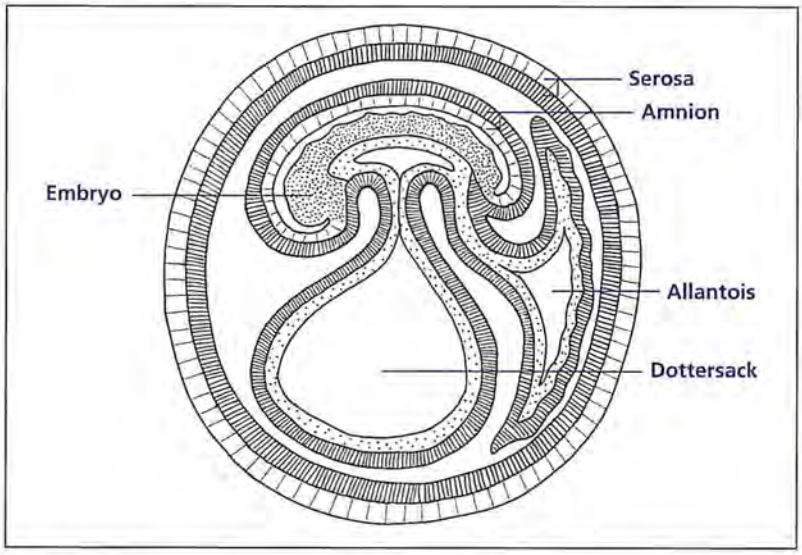


Abb. 1: Embryo, Dottersack, Ammion, Serosa und Allantois im Stadium der Körpergrundgestalt

biologische Bedeutung vom Neurotransmitter bis zum metabolischen Abbauprodukt reicht. Die ökonomischen Gründe, einmal gebildete komplexe Verbindungen zwischenzulagern statt abzubauen, liegen auf der Hand.

Weiterhin zeigt ein Vergleich von Amnion-, Allantois- und Plasmaflüssigkeit des Embryos, daß selektive Barrieren diese drei Flüssigkeiten voneinander trennen. Streßversuche (z.B. Abkühlen oder Wenden der Eier, Alkoholinjektion) weisen außerdem auf die Existenz komplexer Regulationsmechanismen hin. Da die Allantois nicht innerviert ist, kann mit einiger Wahrscheinlichkeit auf eine hormonelle Regulation geschlossen werden.

Zusätzlich zu den oben genannten Funktionen stellt sich die Allantois der Vögel somit als ein hochreguliertes Speicherorgan heraus, das vermutlich einer komplexen, bisher noch unbekannten bidirektionalen Kontrolle unterliegt.

Damit zeigt sich wieder einmal die Vielseitigkeit eines Organs und das Vorliegen unerwarteter Funktionen. Solche Beobachtungen mahnen auch zur Vorsicht bei der evolutionären Interpretation „rudimentärer Organe". [EPPLE A (1996) Die Allantois der Vögel: Neue Funktion eines alten Organs. 129. Jahresversammlung der Deutschen Ornithologen-Gesellschaft vom 16.-21. September 1996 in Melk/Österreich, Tagungsabstract und Vortrag] *JF*

Kreuzungen bei Meeresschildkröten

Mit Hilfe molekulargenetischer Methoden konnte kürzlich die Existenz natürlicher Hybriden bei Meeresschildkröten (Familie Cheloniidae) nachgewiesen werden. Arten aus vier von fünf Gattungen der Familie waren an den Kreuzungen beteiligt. Es handelt sich um folgende Kreuzungen (Anzahl der untersuchten Hybriden in Klammern):

Caretta caretta x Lepidochelys kempii (1);
Caretta caretta x Eretmochelys imbricata (2);
Caretta caretta x Chelonia mydas (4);
Chelonia mydas x Eretmochelys imbricata (1).

Von den beteiligten Arten wird angenommen, daß es sich um evolutionäre Linien handelt, die sich bereits vor 10-75 Millionen Jahren getrennt haben. Damit würde es sich um die ältesten Wirbeltierlinien handeln, die in der Lage sind, in der Natur zu hybridisieren. [KARL SA, BOWEN BW & AVISE JC (1995) Hybridization among the ancient mariners: characterization of marine turtle hybrids with molecular genetic assays. J. Hered. *86*, 262-268] *JF*

Altweltbaum in Südamerika – eine kleine botanische Sensation

Die Familie der Dipterocarpaceen (Ordnung: Ochnales, Klasse: Dicotyledoneae) war nach bisherigen Kenntnissen auf die alte Welt beschränkt, nämlich auf Afrika und das tropische Asien. Die Familie umfaßt dort etwa 22 Gattungen mit insgesamt etwa 500 Arten. Es sind überwiegend Bäume, die zum Teil in den tropischen Wäldern von großer Bedeutung sind. In Südasien gehören sie zu den wichtigsten Gehölzen in tropischen Wäldern. „Dipterocarpaceae" bedeutet „Zweiflügelgewächse" und bezieht sich auf die Entwicklung der Kelchblätter zu flügelartigen Verbreitungsorganen.

Zur größten Überraschung der botanischen Fachwelt wurde jetzt im Regenwald Kolumbiens ein Vertreter dieser Altwelt-Familie gefunden. Die neue Gattung und Art erhielt wegen der Ähnlichkeit mit der afrikanischen Gattung *Monotes* den Namen *Pseudomonotes tropenbosii.* Der Baum ist in der betreffenden Gegend durchaus häufig und zeigt sogar Wuchshöhen bis etwa 80 m. Daß er bislang nicht gefunden wurde, liegt daran, daß die Gegend zuvor noch nie botanisch untersucht worden war, eine Situation, die in den Tropen nicht selten ist.

Peter RAVEN, Direktor des Missouri Botanical Garden, spricht von „einem phantastischen Fund" und sein Kollege Brian M. BOOM vom New Yorker Botanischen Garten schreibt in einer Pressemitteilung, das ganze sei so, als würde man plötzlich im Regenwald Kolumbiens eine (afrikanische) Gorilla-

population entdecken.

Wie kommt *Pseudomonotes tropenbosii* nach Nordamerika? Da die nächsten Verwandten auf anderen Kontinenten leben, muß angenommen werden, daß die Art schon vor der Kontinentaldrift entstanden und somit nach gängiger Vorstellung mehr als 80 Millionen Jahre alt ist. Das ist in der Tat sensationell. Denn über diesen langen Zeitraum hinweg müßte sich in Amerika eine von den übrigen Vorkommen völlig getrennte Evolution abgespielt haben, die aber letztlich zu sehr ähnlichen Formen geführt hat. Nimmt man allerdings für das Auseinanderweichen der Kontinente einen weniger weit zurückliegenden Zeitpunkt an, sind Funde dieser Art nicht als besonders ungewöhnlich anzusehen. Interessant bleiben sie in jedem Fall. Da unser Wissen über die tropischen Wälder bisher noch sehr begrenzt ist, warten wahrscheinlich noch einige Überraschungen auf uns. [Science *269,* 1049; LONDONO AC, ALVAREZ E, FORERO E & MORTON CM (1995) A new genus and species of Dipterocarpaceae from the Neotropics. 1. Introduction, taxonomy, ecology, and distribution. Brittonia *47,* 225-236.] *HK*

Nacktmulle in Bewegung

In *Studium Integrale Journal 3/2* (NEUHAUS 1996) wurde das Leben der Nacktmulle beschrieben. Ihre Lebensgemeinschaft ist eusozial, das heißt ähnlich organisiert wie bei Bienen oder Ameisen. Je nachdem, wie alt die Tiere sind, gehören sie einer bestimmten Kaste an und erfüllen jeweils andere Aufgaben. Schon länger wunderte man sich über einige ältere Tiere: „Sie scheinen auf den ersten Blick eher inaktiv zu sein und liegen oft dösend im Nest" (NEUHAUS 1996, 66). Man vermutete bisher, daß die „faulen Alten" im Verteidigungsfalle eine Bürgerwehr bilden. Es scheint, als habe man diese Tiere falsch eingeschätzt. Nach einer neuen Studie von O'RIAN und Mitarbeitern (1996) handelt es sich um eine bislang unbekannte Kaste, die „Verbreiter". Lange Zeit war unklar, wie sich die Nacktmullkolonien ausbreiten. Die „Verbreiter" sind groß, dick und faul, aber sexuell „aufgeladen". Wann immer sich eine Gelegenheit bietet, versuchen diese Tiere die Kolonie zu verlassen und sich mit einem Weibchen einer anderen Kolonie zu paaren. Die Morphologie dieser Tiere ist für diese Aufgabe genau zugeschnitten und sie sind mit immensen Fettvorräten für diese Aufgabe ausgerüstet. Hier zeigt sich wieder eine faszinierende Analogie mit der Welt der Insekten. So gibt es z.B. bei den Ameisen (und nicht nur dort) geflügelte Ausbreitungsstadien (Könige und Königinnen), die ebenfalls mit Fettreserven versehen, das Nest verlassen, um ein neues zu gründen.

Das Erstaunliche an den Nacktmullen ist, daß es sich um Säugetiere handelt, die trotz dieser neuentdeckten „Verbreiter" die höchsten Grade an Inzucht zeigen. Jedoch kommt es bei ihnen merkwürdigerweise nicht zu einer sogenannten Depression; d.h. die Fitness einer Gruppe reduziert sich normalerweise mit ansteigender Inzucht, weil die genetische Variabilität abnimmt und sich unvorteilhafte Mutationen schneller auswirken. [BROMHAM L & HARVEY PH (1996) Behavioural ecology: Naked mole-rats on the move. Current Biol. *6,* 1082-1083; NEUHAUS K (1996) Eusoziale Säugetiere: Nacktmulle im Untergrund. Stud. Int. J. *3,* 65-70; O'RIAN, JARVIS & FAULKES: Nature *380,* 1996, 619-621] *KN*

Wie Mutationen die Lebenserwartung verkürzen können

Selektion bedeutet in letzter Konsequenz, daß ein bestimmter Genotyp in einer Population häufiger oder seltener wird, indem es mehr oder weniger entsprechende Individuen gibt. Daher werden Änderungen des Erbguts an der unmittelbaren Anzahl der Nachkommen und nicht an anderen (oder gar langfristigen) Vorteilen für das Individuum oder die Population gemessen. Dies wirkt sich auch auf die Geschwindigkeit aus, mit der sich Mutationen ausbreiten, die erst später im Lebenslauf ihre Wirkung entfalten.

Mit fortschreitendem Lebensalter sterben immer mehr Individuen eines identischen Genotyps aus unterschiedlichsten Gründen (gefressen, verhungert usw.). Die Wirkung der Selektion ist für solche Mutationen, die erst in höherem Lebensalter wirksam werden, entsprechend geringer. Denn diese Mutationen können sich nur bei einem Teil der Organismen auswirken (nämlich bei denen, die ein höheres Alter erreichen). Wenn die reproduktive Phase gar schon überschritten ist, dann können die Mutationen überhaupt nicht mehr selektiv erfaßt werden, da sie nun keinen Einfluß mehr auf die Anzahl der gezeugten Nachkommen haben können. Solche Mutationen können sich daher genauso effektiv in der Population ausbreiten wie neutrale Mutationen, selbst wenn sie (im Alter) starke negative Effekte haben. Addieren sich solche Fehler jedoch in ihrer Wirkung, wie das oft der Fall ist, so kann die Lebenserwartung im Laufe der Zeit signifikant herabgesetzt werden.

Ein weiterer Mechanismus, der zu einer mikroevolutiven Verkürzung der Lebenserwartung führen kann, ist folgender: Wenn Mutationen in der Jugend einen positiven Effekt haben (z.B. indem sie die Anzahl der gezeugten Nachkommen erhöhen), im Alter dagegen einen negativen Effekt (etwa, weil dann Nährstoffe fehlen, die für den Erhalt des Körpers nötig wären), dann kann eine starke Selektion für diese Mutation in der Jugend dazu führen, daß die Nachwirkungen im Alter nicht mehr berücksichtigt werden. So könnten Mutationen, die zu einer (evolutionär) optimalen Anpassung der Lebensge-

schichte führen, nebenbei die Lebenserwartung herabsetzen.

Beide Effekte konnten in *Drosophila* beobachtet werden. Unklar ist jedoch der jeweilige Anteil dieser Effekte an der Evolution der Lebensspanne. Noch verwickelter ist die Situation beim Menschen. Während unter den harten Bedingungen der „guten, alten Zeit" wohl vor allem diejenigen lange lebten, die auch entsprechende Gene (und etwas Glück) besaßen, können durch den medizinischen und zivilisatorischen Fortschritt heute auch solche Menschen relativ alt werden, die für natürliche Bedingungen weniger geeignete Gene besitzen. Wie daraus resultierende, möglicherweise veränderte Selektionsbedingungen die Alterungsgeschwindigkeit künftiger Generationen verändern werden, ist noch nicht absehbar. Wenn sich das durchschnittliche Alter, in dem Nachkommen gezeugt werden, nicht verändert, dann wird wohl vor allem selektionsneutrale Evolution durch Gendrift das Bild bestimmen. [PARTRIDGE L & PROWSE N (1994) Mutation, variation and the evolution of ageing. Current Biology *4*, 430-432.] *LL*

Daumenmorphologie, Werkzeugherstellung und Australopithecus robustus

In *Studium Integrale Journal* wurde bereits über die kontroverse Diskussion in Bezug auf die Fähigkeiten von *Australopithecus robustus* im Umgang mit Werkzeugen berichtet (BRANDT 1995). SUSMAN hat bei einem Daumenmittelhandknochen (SKX 5020), den er *Australopithecus robustus* zuordnet, einen breiten Kopf in Relation zur Länge festgestellt. Aus diesem menschlichen Merkmal schließt er auch auf menschliche Fähigkeiten dieser *Australopithecus*-Spezies in der Herstellung und Benutzung von Werkzeugen. Es gibt begründete Einwände sowohl gegen die taxonomische Zuordnung von SKX 5020 zu *Australopithecus robustus* als auch gegen die Schlußfolgerung, die sich allein auf dieses Merkmal stützt. Darüber hinaus haben HAMRICK & INOUYE (1995) und OHMAN et al. (1995) nachgewiesen, daß nicht nur der Mensch, sondern auch viele Gorillas einen Daumenmittelhandknochen dieser Form besitzen. [BRANDT M (1995) Stud. Int. J. *2*, 39-42; HAMRICK MW & INOUYE CE (1995) Science *268*, 586-587; OHMAN JC, SLANIA M, BAKER G & MENSFORTH RP (1995) Science *268*, 587-589] *MB*

Alte Galaxie in jungem Universum

Eine relativ alte Galaxie (53W091) wurde mit einer Rotverschiebung von z = 1,55 beobachtet. Im Urknall-Modell ergibt sich hieraus bei einer Hubble-Konstanten zwischen 60 und 80 km s^{-1} Mpc^{-1} ein Alter dieser Galaxie von 2 bis 2,6 Mrd. Jahren nach dem Urknallereignis (wegen der endlichen Ausbreitungsgeschwindigkeit des Lichts sieht man die Galaxie in der Vergangenheit). Ein Vergleich der spektralen Daten mit Modellen der Evolution von Sternpopulationen ergibt aber ein Galaxienalter nach Sternbildung von mindestens 3,5 Mrd. Jahren. Die Diskrepanz verschärft sich noch, wenn man eine zusätzliche Sternbildungszeit von etwa 1 Mrd. Jahren annimmt. [KENNICUT RC (1996) Nature *381*, 555-556; DUNLOP J et al. (1996) Nature *381*, 581-584] *FM*

Phönizische Inschrift beschreibt Menschenopfer für Moloch

Eine unlängst von Elizabeth CARTER (University of California, Los Angeles) in der südlich-zentralen Türkei gefundene Stele enthält die bisher älteste schriftliche Überlieferung über Menschenopfer im Alten Orient. Die phönizische Inschrift wird auf das achte vorchristliche Jahrhundert datiert. Ein König von Zilizien berichtet über mindestens zwei gewonnene Schlachten. Beide Seiten hätten zuvor dem Moloch Menschenopfer dargebracht, doch nur seine Opfer seien erhört worden. Nach den alttestamentlichen Berichten waren Kinderopfer an den Moloch auch im alten Kanaan nicht ungewöhnlich. Obwohl sie dem Volk Israel bei Todesstrafe verboten waren, wurden sie später doch durch verschiedene Könige eingeführt. Das Tal Ben-Hinnom hat dadurch traurige Berühmtheit erlangt.

Das besondere an der Stele ist ihr hohes Alter. Bisher bekannte punische Inschriften datieren in das vierte Jhd. v. Chr. und früher. [„Who – or What – was Molech?" Biblical Archaeology Review *22* (1996) No. 4, 13] *UZ*

Klimaschwankungen zur Zeit des Alten Testaments

Entgegen früheren Annahmen war das Klima im Alten Orient teilweise drastischen Schwankungen ausgesetzt. Das ergaben Pollenanalysen von Bohrkernen in Israel, Jordanien, Jemen und der Arabischen See. So sah die Steinzeit und das Chalcolithikum in der Region heftige Regenfälle. Auch die frühe Bronzezeit war nach einer anfänglichen Trockenzeit weithin von feuchtem Klima beherrscht, bis sich die Verhältnisse gegen Ende dieser Periode dramatisch veränderten. Die langanhaltende Dürre wurde erst in der mittleren Bronzezeit wieder von feuchterem Klima abgelöst. Die Folgezeit sah dann ein graduelles Abnehmen der Feuchtigkeit bis zum Beginn der byzantinischen Zeit.

James A. SAUER, der eigene Untersuchungen zur Klimaentwicklung im Jemen durchgeführt hat, sieht sich aufgrund dieser Faktenlage zu einer Revision der gängigen chronologischen Zuordnung der alttestamentlichen Berichte genötigt. So sieht er in dem sog. Kuweit-Fluß, dessen Spuren der Bostoner

Forscher Farouh EL-BAZ unlängst unter dem Sand der arabischen Halbinsel entdeckt hat, eine Ähnlichkeit mit dem biblischen Pischon von 1. Mose 2, 11-12. Das Land Hawila, das der Fluß durchströmt haben soll, wurde von manchen Wissenschaftlern auf Teile von Arabien bezogen. Im alttestamentlichen Bericht besonders hervorgehoben wird das feine Gold dieser Gegend. Die 1932 wiederentdeckte Goldmine von Mahd edh-Dhahab, die „Wiege des Goldes", wurde bereits im Altertum betrieben. Sie liegt am Oberlauf des während der Frühen Bronzezeit ausgetrockneten Flusses. Auch die erwähnten Harze und Halbedelsteine sind typisch für die Gegend. Weniger spektakulär, dafür aber um so bedeutsamer könnte SAUERS Verbindung zwischen den Patriarchenberichten und den Klimaveränderungen der späten Frühbronzezeit sein. Die anhaltende Dürre wäre eine plausible Erklärung für die archäologisch nachgewiesene Entvölkerung Israels und Jordaniens in dieser Zeit (nach der konventionellen Chronologie um 2000 vor Christus).

SAUER assoziiert die Berichte über Hungersnöte in der Zeit der Patriarchen mit der Dürre und setzt deren Auftreten darum in der ausgehenden Frühbronzezeit, deutlich zeitiger als üblicherweise vermutet, an. [SAUER JA (1996) The river runs dry – Biblical Story preserves historical memory. Biblical Archaeology Review *22,* No. 4, 52-64.] *UZ*

Lebensmittel aus Jericho

Mehrere beschriftete Keramikscherben fanden Hobbyarchäologen unlängst in den Ruinen von Qumran. Die Gruppe hatte unter Anleitung von James STRANGE (University of South Florida) nach einer bisher unentdeckten Höhle gesucht, deren Existenz aufgrund seismischer Messungen vermutet worden war. Kurz vor dem Abbruch der zehntägigen Grabung fand Joseph CAULFIELD die Scherben nahe der Ostwand der Siedlung wenige Zentimeter unter der Oberfläche. Es handelte sich offenbar um eine Einkaufsliste für Lebensmittel im nahe gelegenen Jericho, die möglicherweise in die Zeit des jüdischen Krieges, Ende der 60er Jahre des ersten Jahrhunderts, datiert.

Forscher meinen daraus auf das Vorhandensein von Essenern auch in Jericho schießen zu können, denn die Qumran-Gemeinde hätte wohl kaum Lebensmittel von Außenstehenden bezogen. Der Fund ist das erste Schriftdokument, das seit der Entdeckung der berühmten Schriftrollen vor 40 Jahren in Qumran ans Tageslicht kam, dazu das erste mit nichtreligiösem Inhalt überhaupt. [„Scroll hunters at Qumran discover inscribed sherds", Biblical Archaeology Review *22* (1996) No. 3, 14] *UZ*

Neue Radiokarbonalter aus Jericho

H. J. BRUINS von der Ben-Gurion-Universität des Negev und J. VAN DER PLICHT von der Universität Groningen haben unlängst neue Hochpräzisions-^{14}C-Daten von Tell es-Sultan, dem antiken Jericho vorgelegt. Datiert haben die Forscher Getreidekörner, die die Zerstörung der Stadt in Vorratskrügen überdauert haben. Die Daten können daher gut mit dem Zerstörungsereignis selbst korreliert werden. Als Mittel aus 6 Einzelmessungen fanden die Forscher ein ^{14}C-Alter von 3311±12 Jahre. Da ^{14}C-Daten generell auf das Jahr 1950 bezogen werden, entspricht dies einem Zeitpunkt um 1361 v. Chr. Die (nicht unproblematischen) dendrochronologisch kalibrierten Alter liegen für eine Standardabweichung etwa um 180 bis 255 Jahre höher.

Im konventionellen archäologischen Schema wird die Zerstörung Jerichos ägyptischen Truppen der 18. Dynastie zugeschrieben. Die ins Land einfallenden Israeliten unter Josua, die Eroberer der Stadt nach den alttestamentlichen Berichten, wären danach erst im späten 13. bis frühen 12. vorchristlichen Jahrhundert, lange nach der Zerstörung in Erscheinung getreten. Innerbiblische Hinweise (1. Kön. 6,1; Richter 11,26) datieren die israelitische Landnahme jedoch auf etwa 1400. BRUINS und VAN DER PLICHT neigen ebenfalls dazu, den von ihnen gemessenen Zeitpunkt der Zerstörung Jerichos mit den anrückenden Israeliten zu assoziieren. Bestärkt werden sie mit dieser Ansicht durch ^{14}C-Daten der Theraeruption. Verschiedene Forscher haben ^{14}C-Alter für den Ausbruch des Vulkans ermittelt, die (unkalibriert) mit 3356±18 Jahren im Mittelwert 45 Jahre vor der Eroberung Jerichos liegen. Nach dem Auffinden einer Ascheschicht im östlichen Mittelmeer und im Nildelta hatten verschiedene Forscher eine Verbindung zwischen diesem Ereignis und der neunten Plage (2. Mose 10,21: „Eine Finsternis wie zum Greifen") vor dem Auszug des Volkes Israel aus Ägypten hergestellt. Zwischen dem Auszug und der Landnahme in Kanaan lagen entsprechend dem alttestamentlichen Bericht 40 Jahre. [BRUINS HJ & VAN DER PLICHT J (1996) The Exodus enigma. Nature *382,* 213-214] *UZ*

REZENSIONEN

Mey/Schmidt/Zibulla (Hrsg.) Streitfall Evolution – Kontroverse Beiträge zum Neodarwinismus. Wissenschaftliche Verlagsgesellschaft Stuttgart, 1995. (206 S., 35 Abb., DM 48,–)

„Die Zusammenstellung der Aufsätze in diesem Band ergibt ein verzerrtes Bild, da den Gegnern der Evolutionstheorie ein viel zu großes Gewicht beigemessen wird" schreibt KAPLAN warnend am Schluß seines Beitrages im vorliegenden Buch. Dies läßt den Leser vermuten, daß die Aufsatzsammlung, die ihre Entstehung einer Ringvorlesung zur Evolutionstheorie aus dem Sommersemester 1991 an der Universität Tübingen verdankt, ebenfalls nicht ohne 'Kontroversen' entstanden ist. Beim Nachzählen vermeintlicher Befürworter und Gegner ist eine Schieflage jedoch nicht nachvollziehbar; es sind die Evolutionsskeptiker eher in der Minderzahl.

Es macht gerade den Reiz dieses Buches aus, daß diesmal alle zu Wort kommen dürfen. Der Leser kann sich in beide Seiten hineinversetzen und Stärken bzw. Schwächen, Lücken oder Sprünge in den Argumentationsketten analysieren. Beim Lesen entsteht eine ähnliche Atmosphäre wie im Hörsaal, wenn Befürworter des Neodarwinismus und deren Kritiker, aber auch Unentschiedene abwechselnd zu Wort kommen.

Neben allgemeinverständlichen, gut zu lesenden Übersichtsreferaten wie zum Darwinschen Evolutionsmechanismus (KAPLAN) oder zur Koevolution von Blütenpflanzen und Insekten (MOSBRUGGER) werden spezielle Themen wie die Endosymbiosetheorie (SCHENK) in ausgefeiltem Fachchinesisch behandelt. Aber auch Beiträge aus der Soziobiologie (MEY) und theologisch/philosophische Aspekte der Evolutionstheorie (BAUMANN) ermöglichen dem Leser einen Blick über den Tellerrand der Biologie hinaus.

Besonders hilfreich für den Leser ist die Möglichkeit, kontroverse Beiträge zu demselben Teilgebiet zu vergleichen, wie es mit dem Beitrag von BOHLEY (Hypothesen zum Ursprung des Lebens) gegenüber dem Aufsatz von VOLLMERT (Ursuppenproblematik aus der Sicht des Makromolekularchemikers) gelungen ist.

Am Beispiel von Berechnungen von Wahrscheinlichkeiten für die Evolution einer Elektronentransportkette bei Bakterien versucht SCHERER aufzuzeigen, daß die Zeit doch nicht „alle Wunden heilt" bzw. nicht ausreicht, um eine Höher- und Neuentwicklung durch Mutation und Selektion plausibel erscheinen zu lassen.

Bemerkenswert ist der Beitrag von LÖNNIG, der versucht, aufgrund der Erfahrungen innerhalb der Mutationszüchtung bei Kulturpflanzen sein „Gesetz zur rekurrenten Variation" zu stützen. Es besagt, daß bevorzugt immer wieder dieselben Mutationen entstehen und die Anzahl sinnvoller Mutationen damit endlich ist. Aus LÖNNIGS Sicht sollte damit durch fortwährende Zyklen aus Selektion und Mutation keine Höherentwicklung möglich sein.

Wie am Anfang bereits angedeutet, sind vor allem die Schlußplädoyers der Beitragenden ein kontroverser Genuß: Während z.B. SCHWEMMLER seine Ausführungen zur holistischen Evolutionsbetrachtung mit der Feststellung zusammenfaßt: „Die Lebewesen haben sich mit an Sicherheit grenzender Wahrscheinlichkeit aus nicht lebender Materie entwickelt", kommt VOLLMERT aufgrund der ungelösten Probleme bei der Polykondensation von Makromolekülen (DNA) in der Ursuppe zu dem Urteil: „Ohne DNA kein Leben; und wo DNA nicht von selbst entstehen kann, kann auch Leben nicht von selbst entstehen". SCHERER stellt jedoch nach seinem Beitrag vermittelnd heraus: „Durch Evolutionskritik läßt sich aber im Gegenzug auch nicht Schöpfung beweisen."

Die Beiträge enthalten eine Reihe informativer Abbildungen, wodurch die Möglichkeit zur Verwendung in Schule oder Hochschule gegeben ist. Umfangreiche Literaturverweise am Ende der meisten Aufsätze ermöglichen die weiterführende Vertiefung.

Fazit: Eine gelungene Zusammenstellung; natürlich nicht vollständig und aus einem Guß, sondern eben verschiedene Schlaglichter zum Thema Neodarwinismus. Ich werde das Buch in mein Geschenkrepertoire für Arbeitskollegen und interessierte Bekannte aufnehmen.

Jörg Schondelmaier

Michael Brandt

Gehirn und Sprache

Fossile Zeugnisse zum Ursprung des Menschen

Pascal-Verlag Berlin, 1992. 93 S.; 35 Abb.; 10 Tab.
Format 16,5 x 24;

ISBN 3-927390-08-9, Bestell-Nr.: 899.808,
DM 18,– / sfr 19,–

Australopithecus, Homo habilis und *Homo erectus* werden als die wichtigsten Zwischenstufen in der Entwicklung zum modernen Menschen betrachtet. Die Zusammenschau der vorliegenden Ergebnisse zeigt, daß entgegen der verbreiteten Sichtweise der Evolution des Menschen als kontinuierlichem Entwicklungsprozeß die vorliegenden Daten eher ein diskontinuierliches Bild ergeben. Unumstrittene Übergangsglieder, die eine allmähliche Umwandlung eines menschenaffenähnlichen Gehirns in ein menschliches Gehirn belegen, wurden bisher nicht beschrieben.

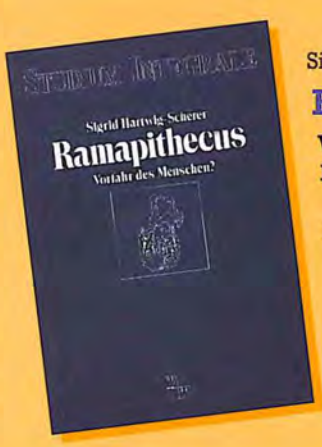
Aus dem Inhalt:
Teil 1: Schädelinnenausgüsse fossiler Hominiden – Endocranialausgüsse – Zeugnisse vergangener Lebensformen – Schädelinnenausgußanalyse: Gehirnvolumen, Gehirnstruktur – Diskussion von Hirnsulcusmustern einiger fossiler Hominiden – Chancen und Grenzen der Paläneurologie für die Zuordnung fossiler Formen
Teil 2: Fossilien, Steinwerkzeuge und der Ursprung der menschlichen Sprache – Der Neandertaler als „connecting link" in der Sprachevolution? – Händigkeit, Hemisphärenlateralisation und Sprache – Kognitive Fähigkeiten und Werkzeugherstellung – Konnte die Hand von *Australopithecus* Werkzeuge herstellen?

Siegfried Scherer (Hg.)

Typen des Lebens

Pascal-Verlag, 1993, 257 Seiten, 88 Abb., zahlreiche Tab., Format 16,5 x 24;
Bestell-Nr. 899.812,
ISBN 3-927390-12-7,
DM 34,95/ sfr 36,50

Über die Abgrenzung von taxonomischen Kategorien wie Art, Gattung und Familie konnte bis heute keine Einigkeit erzielt werden.
Die Autoren von Typen des Lebens machen auf die bisher wenig beachtete Möglichkeit aufmerksam, Verwandtschaftskreise experimentell überprüfbar durch zwischenartliche Kreuzungen zu charakterisieren. Die darauf aufbauende, genetisch begründete Grundtyp-Kategorie ist der Spezies-Kategorie übergeordnet und liegt bei den bisher untersuchten Organismen aus dem Tier- und Pflanzenreich zwischen Gattung und Familie. Grundtypen repräsentieren klar voneinander abgegrenzte Gruppen.
Artbegriffen liegt gewöhnlich die Annahme zugrunde, daß Artbildung mit *Höherentwicklung* korreliert sei. Im Gegensatz dazu werden die Merkmalsverteilungen innerhalb der Artenfächer einzelner Grundtypen im Rahmen der Hypothese *genetisch polyvalenter* Stammformen gedeutet, aus denen durch Artbildungsprozesse genetisch weniger flexible Nachkommen entstanden sind.



Sigrid Hartwig-Scherer

Ramapithecus

Vorfahr des Menschen?

Pascal-Verlag Berlin, 1989, 63 Seiten, 20 Abbildungen, 8 Tabellen, Format 16,5 x 24;
Bestell-Nr. 79.751,
ISBN 3-927390-00-3,
DM 18,– /sfr 19,–

Die Arbeit zeichnet unter umfassender Berücksichtigung auch der neuesten Literatur die bisweilen verschlungenen Pfade nach, auf denen sich die Meinungen der Paläanthropologen bezüglich *Ramapithecus* und verwandter fossiler Formen in den letzten fünf Jahrzehnten bewegten: Ein faszinierendes Kapitel paläanthropologischer Forschung wird vor dem Leser ausgebreitet.
Ramapithecus, einst erster Hominide und damit früher Vorfahr des Menschen, entpuppt sich heute eher als Verwandter des asiatischen Menschenaffen Orang-Utan. Die Faktoren, welche für einen derart gravierenden Deutungswandel verantwortlich sein könnten, sind nicht nur für den Anthropologen interessant, illustrieren sie doch die grundsätzliche Abhängigkeit aller Fossildeutungen von den jeweils aktuellen evolutionstheoretischen Rahmenvorstellungen.

Aus dem Inhalt:
Geschichtlicher Überblick – Kritische Anfragen an verschiedene Rekonstruktionsversuche – Probleme der Merkmalswertung und Klassifikation – Einflüsse der Molekularbiologie – Neufunde aus der Türkei und Pakistan – Mögliche Verwandtschaft zum Orang Utan – Die chinesischen Fossilien aus Lufeng – Anhang mit Kurzbeschreibung der wichtigsten Funde und ausführlichem Glossar

Erhältlich im Buchhandel oder bei
SG Wort & Wissen • Rosenbergweg 29 • 72270 Baiersbronn
Telefon (0 74 42) 8 10 06 • Fax 8 10 08

INTEGRALE-LITERATUR

ISSN 0948-6135